"نشریه علوم زراعی ایران"
جلد بیست و چهارم، شماره ۴، زمستان ۱۴۰۱

مقاله پژوهشی

DOR: 20.1001.1.15625540.1401.24.4.3.0

برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفوفیزیولوژیک ژنوتیپ‌های ذرت (*Zea mays* L.) با استفاده از روش BLUP

Estimation of the breeding value of morphophysiological traits of maize (*Zea mays* L.) genotypes using BLUP method

حامد بروشان[1] و رضا درویش زاده [2]

چکیده

بروشان، ح.، و ر. درویش زاده. ۱۴۰۱. برآورد ارزش اصلاحی صفات مورفوفیزیولوژیک ژنوتیپ‌های ذرت (*Zea mays* L.) با استفاده از روش BLUP. **نشریه علوم زراعی ایران. ۲۴ (۴): ۳۷۴ -۳۵۵.**

اطلاع از نحوه عمل و میزان اثر ژن‌ها، لازمه دستیابی به ارقام گیاهی با بازدهی بالا است. در این راستا فناوری نشانگرهای مولکولی نیاز به اطلاع از شجرهٔ ژنوتیپ‌ها جهت برآورد ماتریس خویشاوندی مورد نیاز برای برآورد ارزش‌های اصلاحی ژنوتیپ‌ها را تامین می‌کند. در این تحقیق، ۹۷ ژنوتیپ ذرت در قالب طرح بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار از نظر ۱۷ صفت زراعی در سال ۱۳۹۵ در دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه مورد ارزیابی قرار گرفتند. پروفیل مولکولی ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از ۱۶ آغازگر ISSR ارزیابی شده و در مجموع ۷۸ مکان چندشکل تکثیر شدند. آغازگرهای UBC825 و UBC811 به ترتیب بیشترین و کمترین تعداد مکان چندشکل را تکثیر کردند. ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت در ارتباط با هر یک از صفات مورد مطالعه به روش بهترین پیش‌بینی ناااریب خطی (BLUP) در قالب مدل خطی مخلوط (MLM) با استفاده از ماتریس خویشاوندی (Kiniship) محاسبه شده بر اساس داده‌های مولکولی، برآورد شد. با در نظرگرفتن ارزش‌های اصلاحی برآورد شده برای صفات مورد مطالعه، ژنوتیپ‌های P10L5، P16L6 Kahia، 89*14، OH43/1-42 و P10L7 دارای بالاترین رتبه بودند. ژنوتیپ 163*/6/15 تنها ژنوتیپ گروه ششم، دارای ارزش اصلاحی مثبت و بالا برای نسبت سطح برگ و ارزش اصلاحی منفی و پایین برای عملکرد دانه در بوته بود. براساس مقادیر ارزش اصلاحی، وراثت‌پذیری خصوصی صفات محاسبه شد و بالاترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی برای زمان ظهور گل‌آذین نر بدست آمد. بالا بودن وراثت‌پذیری خصوصی گزینش بر پایه فنوتیپ برای اصلاح صفت موردنظر را امکان‌پذیر می‌کند. ارزش اصلاحی مثبت نشان دهنده بیشتر بودن توان ژنوتیپ در انتقال ارزش صفات به نسل بعد بوده و در نتیجه می‌توان از آنها به‌عنوان والدین مطلوب در برنامه‌های به‌نژادی ذرت استفاده کرد.

واژه‌های کلیدی: اثر افزایشی ژن، ذرت، ژنتیک کمّی، مدل خطی مخلوط، نشانگرهای مولکولی و وراثت‌پذیری

تاریخ دریافت: ۱۴۰۱/۰۷/۱۶ تاریخ پذیرش: ۱۴۰۱/۱۱/۲۶ این مقاله مستخرج از پایان نامه کارشناسی ارشد نگارنده اول می‌باشد

۱- دانشجوی کارشناسی ارشد دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه
۲- استاد دانشکده کشاورزی دانشگاه ارومیه، ارومیه (مکاتبه‌کننده) (پست الکترونیک: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)

مقدمه

ذرت (*Zea mays* L.) یـک غلـه مهـم منـاطق گرمسیری و معتدل و یک محصول راهبردی است کـه از نظر عملکرد و میـزان تولیـد در دنیـا در رتبـه اول و از نظر سطح زیرکشت، در رتبه سوم پس از گنـدم و بـرنج قرار دارد. پراکنش ذرت تنها محدود بـه منـاطق گـرم و معتدل نیست، بلکه به دلیل سازگاری با بسیاری از نقـاط اقلیمی جهان و بـه دلیـل مسیر فتوسـنتزی چهـار کربنـی دارای بیشترین عملکرد بالقوه در واحد سطح مـی‌باشـد. ذرت منبع اصلی تامین مواد غـذایی بـرای انسـان و دام و سوخت غیرفسیلی در اکثر نقاط جهان محسوب می‌شـود (Sandhu *et al*., 2007).

گزینش والـدین مناسـب اولـین گـام در برنامـه‌هـای به‌نژادی ذرت هیبرید است. تعیین قابلیت ترکیب پذیری عمومی و اجـزای واریـانس ژنتیکـی یـک فعالیـت مهـم در برنامه‌هـای دورگ‌گیـری ذرت محسـوب مـی‌شـود (Fehr, 1993). این موضوع به به‌نژادگران کمک می‌کند تا نحوه عمل (افزایشـی یـا غیرافزایشـی) ژن یـا ژن‌هـایی را که در تظاهر صفات مهم کمّـی نقـش دارنـد، تعیـین کنند. برآورد واریانس ژنتیکی افزایشی از طریق ترکیب پذیری عمومی لاین‌ها، محاسبه وراثت‌پذیری خصوصی صفات را امکان‌پذیر مـی‌نمایـد (Farshadfar, 1998). بـا توجـه بـه اینکـه در سـاختار یـک جمعیـت دیپلوئیـد، " ژن‌های تفرق یافته" به نسل بعد از خود منتقل مـی‌شـوند نه ژنوتیپ والدین؛ بنابراین جـدا از ارزش‌هـای ژنتیکـی، بـرآورد ارزش اصـلاحی (Breeding value) نیـز حـائز اهمیـت اسـت. ارزش اصـلاحی همـان اثـرات افزایشـی ژن‌هـا بـوده و واریـانس افزایشـی بـه صـورت مسـتقیم دامنه تغییرات ارزش اصلاحی والدین را نشان مـی‌دهـد. به‌طور نظری مجموع اثرات متوسط ژن‌های حمـل شـده توسـط یـک فـرد، ارزش اصـلاحی نامیـده مـی‌شـود (Falconer and Mackay, 1996). در عمـل از قابلیـت ترکیب‌پذیری عمومی برای برآورد ارزش‌های اصلاحی استفاده می‌شود و در جمعیت‌های دیپلوئیـد، ارزش‌هـای ترکیب‌پـذیری عمـومی نصـف برآوردهـای افزایشـی یـا اصـلاحی می‌باشـد. یکـی از مـوارد اسـتفاده از بـرآورد ارزش اصـلاحی ژنوتیـپ‌هـا، محاسـبه وراثـت‌پـذیری خصوصـی صـفات اسـت. بـا توجـه بـه اینکـه وراثـت‌پـذیری خصوصـی از نسبت واریـانس افزایشی به واریانس فنوتیپی برآورد می‌شود، بـا افـزایش وراثـت‌پـذیری خصوصـی صـفات، اطمینـان بـه صـحت برآوردهـای اصـلاحی افـزایش خواهـد یافـت. بـا افـزایش وراثـت‌پـذیری خصوصـی، ارزش فنـوتیپی بـه ارزش ژنتیکـی فـرد نزدیـک تـر شـده و بـرآورد دقیـق‌تـری از ارزش‌هـای ژنتیکـی حاصـل خواهـد شـد (Piepho *et al*., 2008).

روش بهترین پیش‌بینی نااریـب خطـی (Best Linear Unbiased Prediction) برای اولین بار در سـال ۱۹۷۰ در اصـلاح دام بـرای ارزیـابی و تخمـین ارزش اصـلاحی گاوهای نر هولشتاین در برنامه تلقیح مصـنوعی اسـتفاده شـد (Freeman, 1991). امـروزه از ایـن روش بـرای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی و مقادیر ژنتیکی (وراثـت پذیری، واریانس ژنتیکی و همبستگی ژنتیکـی) اسـتفاده مـی‌شـود. در روش‌هـای متـداول اصـلاح دام و گیاهان زراعـی و درختـان جنگلـی، بـا تلفیـق اطلاعـات شـجره‌ای در قالـب یـک مـاتریس ارتبـاط افزایشـی (Additive relation matrix) بـه‌نام مـاتریس ضـرایب همخونی (A) با داده‌های فنـوتیپی، بهتـرین پـیش‌بینـی از ارزش‌هـای اصـلاحی (BLUP) حاصـل مـی‌شـود (Meuwissen, 2009). روش‌هـای سـنتی بـه‌نژادی دارای محـدودیت‌هایی ماننـد افـزایش میـزان خـویش‌آمیـزی، افزایش فاصله نسل‌ها و بالا رفتن هزینه‌های آزمون نتـاج هستند. در این روش‌ها به دلیل لحاظ نشدن نمونـه‌گیـری منـدلی، ارزش اصـلاحی فرزنـدان حاصـل از برادر- خواهران تنـی یکسـان در نظـر گرفتـه مـی‌شـود. روش‌های مبتنی بـر نشـانگرهای مولکـولی بـا پیـروی از اصول وراثت ساده مندلی، باعث رفع ایـن محـدودیت‌ها می‌شود.

با توسعه فناوری نشانگرهای مولکولی، شناسایی دقیق ژنتیکی صفات کمی امکان‌پذیر شده است (Semagn *et al.*, 2010). گسترش استفاده از نشانگرهای مولکولی باعث تسهیل تخمین ارزش‌های اصلاحی در گیاهان و دام شده است که می‌تواند به معرفی ژنوتیپ‌های جدید کمک کند. نشانگرهای مولکولی امکان برآورد ارزش اصلاحی صفات زراعی - زیستی ژنوتیپ‌ها را در قالب ماتریس خویشاوندی (Kiniship matrix) با روش BLUP فراهم می‌کنند (Bauer *et al.*, 2006). با استفاده از این روش همبستگی بین ارزش‌های ژنوتیپی واقعی و مقادیر ژنتیکی پیش‌بینی شده به حداکثر می‌رسد که این موضوع هدف اصلی به‌نژادگران است. در برنامه‌های به‌نژادی ارزش‌های فنوتیپی می‌توانند توسط ارزش‌های اصلاحی برآورد شده جایگزین شوند. ارزش‌های اصلاحی پیش‌بینی شده از این طریق، با افزایش میزان پاسخ به گزینش، پیشرفت ژنتیکی بیشتری نشان خواهند داد. با توجه به پیشرفت‌های حاصله در زمینه تکنولوژی نشانگرهای مولکولی، این فناوری به صورت گسترده‌ای در تجزیه تنوع ژنتیکی گونه‌های زراعی بسیاری مانند ذرت مورد استفاده قرار گرفته است (Mir Mohammadi and Golkar, 2019). نشانگرهای مولکولی، ISSR (Inter Simple Sequence Repeat) به دلیل تکرارپذیری و چندشکلی بالا، پوشش ژنومی مناسب، هزینه پایین و سهولت استفاده، ابزار مفیدی در مطالعات مربوط به تجزیه و تحلیل تنوع ژنتیکی، نقشه‌یابی ژنومی و برآورد ارزش‌های اصلاحی محسوب می‌شوند (Reddy *et al.*, 2002).

نتایج آزمایش قهرمانی و درویش زاده (Ghahramani and Darvishzadeh, 2021) درباره ارزش‌های اصلاحی صفات زراعی در ذرت با نشانگرهای IRAP و REMAP نشان داد که ژنوتیپ‌های دارای حداکثر رتبه ارزش اصلاحی برای برخی صفات می‌توانند به عنوان والدین مطلوب جهت گزینش در برنامه‌های به‌نژادی ذرت در نظر گرفته شوند. طهماسب‌عالی و همکاران (Tahmasbali *et al.*, 2020) در مطالعه ارزش اصلاحی صفات مهم زراعی در ژنوتیپ‌های توتون شرقی دریافتند که در نظر گرفتن ارزش اصلاحی همراه با میانگین فنوتیپی می‌تواند باعث افزایش کارایی برنامه‌های اصلاحی شود. علاوه بر این، نتایج آزمایش افروز و همکاران (Afrouz *et al.*, 2021) روی تخمین ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از نشانگر چند شکلی تک نوکلئوتیدی (SNP) در شرایط بدون تنش و تنش شوری نشان داد که داشتن ارزش اصلاحی بالا برای یک صفت، یک مزیت در برنامه‌های گزینش مبتنی بر تلاقی محسوب می‌شود.

هدف از برآورد ارزش اصلاحی گزینش والدین برتر برای تولید ژنوتیپ‌ها، لاین‌ها و یا جمعیت‌های جدید برای اهداف به‌نژادی خاص می‌باشد. در آزمایش حاضر ارزش اصلاحی ۹۷ ژنوتیپ ذرت از نظر ۱۷ صفت به روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی با استفاده از نشانگرهای ISSR برآورد شد. نتایج حاصل از این آزمایش می‌تواند به به‌نژادگران در گزینش ژنوتیپ‌های ذرت با عملکرد بالا و دارای صفات مطلوب کمک کند.

مواد و روش‌ها

در این آزمایش مواد گیاهی شامل ۹۷ ژنوتیپ ذرت از دانشگاه رازی کرمانشاه، مرکز تحقیقات کشاورزی خراسان رضوی و مؤسسه نهال و بذر- کرج تهیه شده و در قالب طرح پایه بلوک‌های کامل تصادفی با شش تکرار در مزرعه تحقیقاتی گروه تولید و ژنتیک گیاهی دانشگاه ارومیه در شرایط گلدانی با ترکیب ۲ خاک و ۱ ماسه کشت شدند. اسامی ژنوتیپ‌های ذرت مورد استفاده در جدول یک ارائه شده است.

جدول ۱- اسامی ژنوتیپ‌های ذرت مورد استفاده در آزمایش

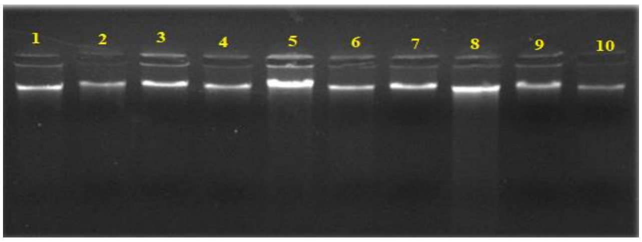
Table 1. Names of maize genotypes used in the experimemt

کد Code	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes	کد Code	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes	کد Code	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes
1	Tenptato (White- First class)	41	K615/1	81	R59 (Paternal)
2	K1263 2 -1388	42	39*/89 (Sibcer)	82	Super sweet-1387 Basin
3	36-N/M-K3653/2	43	16*/89	83	Challenged 1389/st
4	89-4*	44	115*13981 (White cob corn)	84	Sweet white/ 1390
5	9/K1911	45	138*/89	85	52*Sweet
6	74*/1388	46	K19*/1392 (Isolate)	86	Popcorn-53 or 54 (Linear)
7	8/K1911	47	P13L2	87	W37a
8	25*/89	48	P19L17 Kahia	88	KS13
9	K1264 /1	49	P15L16	89	R319
10	48*1390	50	P6L1	90	R59 (Paternal)
11	13/ K19/1	51	P3L2	91	W153R
12	11 K1910	52	P14L1 Kahia	92	K1533 Popcorn
13	5/ K1911	53	P19l3	93	R59*R (Double cross- maternal)
14	4/ K1911	54	P9L3 Kahia	94	B73(RFC or CMS)
15	7/K1911	55	P15 L16 Kahia	95	1264/ 1
16	6/ K19/ 1	56	P11L7	96	MO17
17	2 K1911	57	P14L2	97	ZK472221
18	55-N- K3640/S	58	P14L2		
19	43*89 (Red cob corn)	59	P10L5		
20	172*/89	60	P16L6 Kahia		
21	67*/88	61	P16L4 Kahia		
22	23*89	62	P15L4		
23	10/K 19/1	63	P1L4 (Dialell- Karaj)		
24	1*/89 (Red cob corn)	64	P11L6		
25	34*/1399	65	P9L6		
26	20*1399	66	P13L3		
27	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	67	P3L11		
28	K19/1	68	P3L1		
29	K166 B/89	69	P10L7		
30	163*/6/15	70	P16L12 Kahia		
31	KE70012/ 1 -12 -138	71	P1L15 Kahia		
32	A679/420N89	72	P19L5 Kahia		
33	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	73	P10L9		
34	66*1388	74	K615/1		
35	70*1388	75	OH43/1 -42		
36	14*/89	76	K12264/ 5 -1		
37	6*/88	77	R=59		
38	3K19/1	78	K615/1		
39	K1263/1 (Sterilized)	79	B73		
40	1387/193/Chase*	80	OH43/1042 (Paternal)		

در ابتدای رشد گیاهچه‌ها هر سه روز یک بار و در مرحله چهار برگی هر روز یک بار آبیاری انجام شد. از این مرحله به بعد هر دو روز یک بار به‌مقدار ۰/۵ گرم در لیتر کود مخلوط ۲۰-۲۰-۲۰ (NPK) به خاک گلدان‌ها داده شده و تا مرحله گلدهی ادامه داده شد. صفات فنوتیپی گیاهی شامل ارتفاع بوته (سانتی‌متر)، ارتفاع بوته از طوقه تا اولین بلال (سانتی‌متر)، طول و عرض برگ (سانتی‌متر)، مساحت برگ (سانتی‌متر مربع)، تعداد بلال، عدد کلروفیل‌متر (SPAD)، وزن دانه (گرم)، وزن چوب بلال (گرم)، قطر ابتدا و وسط چوب بلال (سانتی متر)، طول چوب بلال (سانتی‌متر)، وزن خشک بوته (گرم)، زمان ظهور گل‌آذین نر (روز از کاشت بذر)، زمان ظهور بلال اول (روز از کاشت بذر)، زمان ظهور بلال دوم (روز از کاشت بذر) و شاخص سطح برگ (مترمربع) بودند که در مرحله گلدهی اندازه‌گیری شدند.

برای تهیه پروفیل مولکولی ژنوتیپ‌های ذرت، در مرحله چهار برگی از شش تکرار هر ژنوتیپ یک نمونه برگی مخلوط تهیه شده و در دمای ۸۰- درجه سانتی‌گراد نگهداری شد. استخراج دی ان آی نمونه‌های

برگی به روش CTAB (Murray and Thompson, 1980)، انجام شد. ارزیابی کیفیت و کمیت دی ان آی استخراج شده و میزان خلوص و غلظت آن به ترتیب با استفاده از اسپکتروفتومتری در طول موج‌های ۲۶۰، ۲۸۰ و ۲۳۰ نانومتر و الکتروفورز روی ژل یک درصد انجام شد (شکل ۱). ارزیابی ژنتیکی ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از ۱۶ آغازگر ISSR انجام شد (جدول ۲) (Ghafari Azar *et al*., 2019).



شکل ۱- نتایج کیفیت‌سنجی تعدادی از نمونه‌های دی ان آی ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از ژل آگارز یک درصد

Fig. 1. Quality assessment of some DNA samples of maize genotypes using 1% agarose gel

جدول ۲- مشخصات آغازگرهای مورد استفاده در بررسی تنوع ژنتیکی ژنوتیپ‌های ذرت با نشانگرهای ISSR

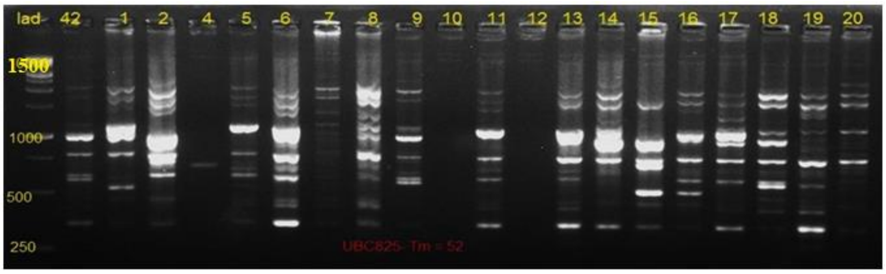
Table 2. Characteristics of the primers used for genetic diversity assessment of maize genotypes using ISSR markers

آغازگرهای ISSR ISSR primers	توالی آغازگر (′۳ → ′۵) Sequence (5′→3′)	دمای اتصال آغازگر (Tm)
UBC890	VHV(GT)$_7$	56
B9	(GGT)2CAAG	35
A12	(GA)$_6$CC	42
UBC807	(AG)$_8$T	46
UBC 811	(GA)$_8$C	48
UBC812	(GA)$_8$A	42
UBC820	(GT)$_8$C	52
UBC825	(AC)$_7$T	52
UBC827	(AC)$_8$G	54
UBC835	(AG)$_8$YC	52
UBC841	(GA)$_8$YC	41
UBC 848	(CA)8RG	55
UBC867	(GGC)6	40
UBC884	HBH(AG)7	40
UBC885	(AC)$_8$YT	40
A7	(AG)$_{10}$T	52

R= A/T, Y= G/C, B =T/G/C; D= A/T/G, H= A/TIC, V= A/G/C

واکنش زنجیره‌ای پلیمراز با استفاده از دستگاه ترموسایکلر (Applied Biosystem, ABI 2720, USA) انجام شد. واسرشته‌سازی دی ان آ در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد- چهار دقیقه، سپس ۳۶ چرخه شامل: ۳۰ ثانیه در دمای ۹۴ درجه سانتی‌گراد، ۳۰ ثانیه در دمای ۵۵- ۳۵ درجه سانتی‌گراد، دو دقیقه در دمای ۷۲ درجه سانتی‌گراد و بسط نهایی در ۷۲ درجه سانتی‌گراد به مدت ۱۰ دقیقه انجام شد. الکتروفورز محصولات واکنش زنجیره‌ای پلیمراز روی ژل آگارز ۱/۷ درصد به مدت سه ساعت و با ولتاژ ۷۰

انجام شد. برای مشاهده نوارها از رنگ آمیزی با اتیدیوم بروماید استفاده شد (شکل ۲).



شکل ۲- تصویر ژل الکتروفورز تعدادی از ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از آغازگر UBC825

Fig. 2. The image of electrophoresis of some maize genotypes using the UBC825 primer
DNA Ladder: 1kb Gene ruler (Fermentas)

پیش‌بینی ارزش اصلاحی صفات مورد ارزیابی با روش بهترین پیش‌بینی نااریب خطی (BLUP) در قالب مدل خطی آمیخته (Mixed linear model) با استفاده از نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ انجام شد (Bernardo, 2010).

ساختار کلی مدل خطی به‌صورت رابطه ۱ است:

$$Y = Xb + Zu + e \qquad \text{(رابطه ۱)}$$

Y: بردار مشاهدات، X و Z: ماتریس‌های تلاقی، e: بردار باقی‌مانده تصادفی و b و u: به‌ترتیب بردارهای اثرات تصادفی و ثابت هستند. توزیع اثرات تصادفی از روابط ۲ و ۳ تبعیت می‌کند.

$$u \sim MVN(0 , G) \qquad \text{(رابطه ۲)}$$

$$e \sim MVN (0 ; R) \qquad \text{(رابطه ۳)}$$

MVN (m , V): توزیع نرمال چندمتغیره با بردار میانگین m و ماتریس واریانس-کوواریانس V می‌باشند. اثرات تصادفی توسط مدل BLUP و اثرات ثابت توسط مدل بهترین برآورد ناریب خطی (BLUE) برآورد می‌شوند. اجزای واریانس در G و R با برآوردهای آنها جایگزین می‌شوند که معمولاً با حداکثر درست‌نمایی محدود شده (Restricted maximum likelihood) برآورد می‌شوند (Patterson and Thompson, 1971).

رابطه هندرسون برای برآورد همزمان BLUE و BLUP با در نظر گرفتن تعداد متفاوت تکرارهای ژنوتیپ‌ها به شکل رابطه ۴ است.

$$\begin{bmatrix} x'R^{-1}x & x'R^{-1}z \\ z'R^{-1}x & z'R^{-1}z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{u} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} x'R^{-1}y \\ z'R^{-1}y \end{bmatrix} \qquad \text{(رابطه ۴)}$$

$$G^{-1} = A^{-1}(\frac{V_e}{V_g})$$

A: به‌عنوان یک ماتریس t×t (t: تعداد ژنوتیپ‌ها) ضرایب خویشاوندی تعریف می‌شود که درجه کواریانس ژنتیکی بین افراد را نشان می‌دهد. V_e و V_g: به‌ترتیب واریانس ژنتیکی (اثرات افزایشی + غیرافزایشی) و واریانس باقی‌مانده (اثرات محیطی) هستند. اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها یکسان باشد، r یک ماتریس واحد است؛ در غیر این‌صورت اگر تعداد تکرار ژنوتیپ‌ها متفاوت باشد، r یک ماتریس n×n (n: تعداد مشاهدات) با عناصر خارج قطر اصلی صفر و عناصر روی قطرِ برابر عکس تکرار ژنوتیپ‌ها خواهد بود. برای برآورد ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت، با استفاده از داده‌های مولکولی (نشانگرهای ISSR) ماتریس خویشاوندی (Kiniship) بین ژنوتیپ‌ها در نرم‌افزار TASSEL محاسبه شد. از دو برابر ماتریس Kiniship به‌جای ماتریس روابط خویشاوندی (ماتریس ارتباط افزایشی یا ماتریس ضرایب همخونی) در مدل خطی آمیخته برای پیش‌بینی ارزش‌های اصلاحی در نرم‌افزار SAS نسخه ۹/۴ استفاده شد. از آماره t برای آزمون برابری با صفر برآوردهای ارزش‌های اصلاحی استفاده شد. برای

برآورد وراثت‌پذیری خصوصی صفات از رابطه ۵ استفاده شد:

$$h_{ns}^2 = \frac{\delta_A^2}{\delta_P^2}$$ (رابطه ۵)

h^2_{ns}: وراثت‌پذیری خصوصی، δ_A^2: واریانس افزایشی و δ_P^2: واریانس فنوتیپی هستند. با برآورد واریانس بین ارزش‌های اصلاحی صفات مورد مطالعه، واریانس اصلاحی افزایشی به دست آمد. جهت آزمون معنی‌داری وراثت‌پذیری خصوصی برآورد شده از آماره t به صورت روابط زیر استفاده شد. سپس t محاسبه شده با t جدول در سطح احتمال پنج درصد و درجه آزادی n-1 مقایسه شد (n تعداد ژنوتیپ‌ها است).

$$h_{ns}^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$ (رابطه ۶)

$$SE(h_{ns}^2) = \frac{SE(\sigma_A^2)}{\sigma_P^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{df+2}}}{\sigma_P^2} = \frac{\sqrt{\frac{2MS}{(n-1)+2}}}{\sigma_P^2}$$ (رابطه ۷)

$$MS = \frac{\sum_{i=1}^{n}(bi-\bar{b})^2}{n-1}$$ (رابطه ۸)

$$t = \frac{h_{ns}^2 - 0}{SE(h_{ns}^2)} = \frac{h_{ns}^2}{SE(h_{ns}^2)}$$ (رابطه ۹)

bi: مقدار ارزش اصلاحی ژنوتیپ iام می‌باشد.

به‌منظور تعیین سهم هر صفت در تنوع کل، کاهش حجم داده‌ها و تفسیر بهتر روابط از روش تجزیه به مؤلفه‌های اصلی استفاده شد. برای گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس ارزش‌های اصلاحی از روش تجزیه خوشه‌ای به روش حداقل واریانس وارد در نرم‌افزار SPSS استفاده شد. تعیین تعداد خوشه‌ها و صحت آن بر اساس نتایج تابع تشخیص در نرم‌افزار SPSS نسخه ۲۶ انجام شد.

نتایج و بحث

در این آزمایش به منظور پیش‌بینی ارزش اصلاحی ژنوتیپ‌های ذرت از دو برابر ماتریس خویشاوندی به جای ماتریس روابط خویشاوندی در مدل خطی آمیخته در نرم‌افزار SAS استفاده شد (جدول ۳). برای صفت وزن دانه در بوته، بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی به‌ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های P1019 و 163*6/15 بود. نتایج آزمایش داوودی و همکاران (Davoodi *et al.*, 2017) در لوبیا نشان داد که همبستگی مثبت و معنی‌داری میان صفت وزن دانه در بوته با عملکرد زیستی وجود داشت. در نتیجه وجود ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار برای این صفت می‌تواند در گزینش بر پایه صفت اخیر از نتاج حاصل از ژنوتیپ‌های با ارزش اصلاحی بالا به اصلاح ارقام پرمحصول به طور مشابه در ذرت منجر شود. وجود ارزش اصلاحی معنی‌دار نشان دهندهٔ این است که اثرات افزایشی در کنترل صفت نقش دارند. در صفت ارتفاع بوته، بیشترین و کمترین ارزش اصلاحی به ترتیب مربوط به ژنوتیپ‌های 89*14 و Tenptato بود. شواهد، وجود رابطه آلومتریک بین ارتفاع بوته با سایر صفات رویشی را در ارقام گندم نشان داده است، بنابراین وجود ارزش اصلاحی (اثر افزایشی) نسبتاً بالا و معنی‌دار می‌تواند یک پتانسیل بالقوه برای ژنوتیپ مورد نظر در برنامه‌های گزینش باشد. در آزمایش مصطفوی و همکاران (Mostafavi *et al.*, 2009) در ذرت والد B73 برای صفت ارتفاع بوته دارای ترکیب‌پذیری مثبت و معنی‌دار بود. در برنامه‌های به‌نژادی ذرت به‌منظور کاهش ارتفاع بوته می‌توان از والدهایی با قابلیت ترکیب‌پذیری منفی و معنی‌دار استفاده کرد. در ارتباط با صفت ارتفاع بلال، بالاترین و پایین‌ترین رتبه مربوط به ژنوتیپ‌های 38*14 و (چوب قرمز) 89*43 بود. در مورد برخی صفات مانند ارتفاع بلال، استفاده از ژنوتیپ‌هایی با ترکیب‌پذیری عمومی منفی و معنی‌دار باعث افزایش راندمان در گزینش ارقام با ارتفاع بلال کمتر می‌شود. ارتفاع زیاد می‌تواند باعث خوابیدگی بوته و به تبع آن، کاهش عملکرد دانه شود.

برای صفت طول برگ، بالاترین و پایین‌ترین رتبه ارزش اصلاحی به ترتیب در ژنوتیپ‌های OH43/1-42 و 88/*6، برای صفت عرض برگ به‌ترتیب در ژنوتیپ‌های P16L6 Kahia و 9/K1911، برای نسبت

سطح بـرگ بـه‌ترتیب در ژنوتیـپ‌هـای 163*/6/15 و 9/K1911 و در ارتباط با شاخص سطح بـرگ بـه‌ترتیب در در ژنوتیـپ‌هـای P16L6 Kahia و 9/K1911 مشاهده شد. افزایش شاخص سطح بـرگ باعـث جـذب بیشتر تابش خورشیدی و بهبود فتوسنتز در جامعه گیاهی شـده و در نتیجه عملکـرد دانـه در واحـد سـطح نیـز افـزایش می‌یابد. نتایج آزمایش انجام شده در گندم دوروم نشـان داده است که بـرگ پـرچم سـهم عمـده‌ای در عملکـرد دانـه دارد (Wanda and Houshmand, 2011). معنـی‌دار بودن نسبت قابلیـت ترکیـب‌پـذیری عمـومی بـه قابلیـت ترکیـب پـذیری خصوصـی در صـفات طـول بـرگ و مساحت روزنه در سطح رویی برگ پرچم نشـان دهنـدهٔ سهم بیشتر اثرات افزایشی ژن‌ها در بـروز آن صـفات در گندم است. نتایج آزمایش حاضر نشان داد کـه بـه طـور مشابه در مواد ژنتیکـی مـورد مطالعـه در ذرت، گـزینش برای صـفت طـول بـرگ در نسـل‌هـای اولیـه حاصـل از ژنوتیپ‌هـای بـا ارزش اصـلاحی بـالا، کـارایی گـزینش افزایش یافته و باعـث توسـعه ارقـام پرمحصـول خواهـد شد. در ارتباط با صفات تعداد بلال، بیشترین و کمتـرین رتبه اصلاحی به‌ترتیب به ژنوتیپ‌های 1390*48 و Super sweet -1387 Basim، در وزن چـوب بـلال بیشـترین و کمترین مقدار بـه ژنوتیپ‌هـای K19*/1392 و K615/1، در قطر ابتدای چوب بلال بیشترین و کمترین برآوردهـا بـه ژنوتیپ‌هـای 13/K19/1 و Tenptato، در قطـر وسـط چوب بلال بیشترین و کمترین برآوردها به ژنوتیپ‌هـای Tenptato و B73، در طـول چـوب بـلال بیشـترین و کمتـرین رتبـه‌های اصـلاحی بـه ژنوتیپ‌هـای 89/*14 و B73، در زمـان ظهـور بـلال اول بیشـترین و کمتـرین ارزش‌های اصلاحی به ژنوتیپ‌های KS13 و K19*/1392 و در مورد زمان ظهور بلال دوم بـالاترین و پـایین‌تـرین رتبه‌ها به ژنوتیپ‌های 13/K19/1 و K615/1 تعلق داشتند. بالا بودن اثرات افزایشی در صفات تعـداد بـلال، ارتفـاع بـلال نشـان می‌دهـد کـه ایـن ژنوتیپ‌هـا، مخصوصـا ژنوتیپ‌هـای 1390*48 و 89/*14 پتانسـیل بـالایی در انتقال صفات فوق به نسل بعـد داشـته و بنـابراین بـه‌طور بالقوه می‌توان از آنها در تولیـد ارقـام پرمحصـول مـورد استفاده کرد. اگرچه خـلاف ایـن موضـوع در آزمـایش پـال و پرودهـام (Pal and Prodham, 1994) نشـان داده شده که در آن صفت طول بلال در جمعیـت‌هـای $F_{2:3}$ و تلاقی برگشـتی ذرت بیشـتر توسـط اثـرات غیرافزایشـی (غالبیـت و اپیسـتازی) کنتـرل مـی‌شـود تـا افزایشـی. بـه احتمال قوی تفاوت بین دو جزء غالبیت و افزایشی برای این صفت زیاد و میانگین درجه غالبیت ژنـی، بزرگ‌تـر از یک بوده که ایـن موضـوع نشـان دهنـده سـهم بیشـتر اثرات غیرافزایشی و در نتیجه اهمیت هتروزیس در بروز این صفت می‌باشد.

در مـورد صـفات وزن خشـک بوتـه، ژنوتیـپ‌هـای 89/*14 و 1387/193/chase بـــه ترتیـــب بـــالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی را داشتند. در ارتباط بـا عـدد کلروفیـــل‌متر بیشـــترین ارزش اصـــلاحی مربـــوط بـــه ژنوتیـپ Tenptato و کمتـرین مقـدار نیـز بـه ژنوتیـپ K1533 popcorn تعلق داشت. در خصوص زمـان ظهـور گل نر نیز ژنوتیپ (پـدری) OH43/104 دارای بـالاترین رتبه و ژنوتیپ Tenptato نیز کمترین رتبه را دارا بودنـد. نتایج تحقیقات نشان داده است که اثر تنش‌های محیطـی در دوره گل‌دهی علاوه بر تاثیر سـوء بـر تلقـیح گل‌هـا، باعث کاهش وزن ماده خشک گیاه شـده کـه علـت آن را مـی‌تـوان کـاهش در جـذب مـواد غـذایی توسـط ریشه و انتقال آنها به ساقه در اثر تـنش خشـکی دانسـت (Cakir, 2004). بـا اسـتفاده از ارزش اصـلاحی ژنـوتیپی ماننـد 89/*14 در برنامـه‌هـای دورگ‌گیـری در ذرت می‌توان اطمینان حاصل کرد که وزن خشک بوتـه بـالا کـه در ذرت علوفـه‌ای از صـفات مطلـوب محسـوب می‌شود، به نسل بعد منتقل خواهد شد.

در یک پـروژه بـه‌نژادی اطـلاع از نحـوه عمـل ژن بـه بهنژادگر در انتخـاب روش صـحیح مـدیریت برنامـه‌هـای به‌نژادی کمک خواهد کرد. در آزمایش حاضر در مـورد زمـان ظهـور گـل‌آذین نـر، بـه جـز ژنوتیـپ (پـدری)

OH43/104، تمامی ارزش‌های اصلاحی غیر معنی‌دار بود که این موضوع نشان می‌دهد که این صفت توسط اثرات غیرافزایشی کنترل شده و در نتیجه در برنامه‌های به‌نژادی دورگ‌گیری مؤثرتر از گزینش خواهد بود. علاوه بر این، برای صفت عدد کلروفیل‌متر تمامی ارزش‌های اصلاحی معنی‌دار بودند که این موضوع نشان دهنده سهم گستردهٔ اثرات افزایشی در کنترل این صفت بوده و در نتیجه گزینش مؤثرتر از دورگ‌گیری خواهد بود. چنانچه در به‌نژادی، افزایش نسبی ارزش جمیع صفات مدنظر باشد، از داخل ژرم‌پلاسم می‌توان ژنوتیپ‌های مورد نظر را گزینش کرد. با در نظر گرفتن مجموع ارزش‌های اصلاحی صفات مورد ارزیابی، بالاترین و پایین‌ترین رتبه (بالاترین و پایین‌ترین ارزش اصلاحی) به ترتیب متعلق به ژنوتیپ‌های P10L5 و *1387/193/Chase بود. نتایج کلی آزمایش حاضر نشان داد که ژنوتیپ 14*89/ برای صفات طول چوب بلال، وزن خشک بوته، ارتفاع بوته و ارتفاع بلال دارای بالاترین ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار بود. ژنوتیپ Tenptato نیز با دارا بودن حداکثر ارزش اصلاحی برای عدد کلروفیل‌متر و قطر وسط چوب بلال و ژنوتیپ 3/K19/1 برای زمان ظهور بلال دوم و قطر ابتدای چوب بلال در درجه بعدی اهمیت در برنامه‌های دورگ‌گیری قرار گرفتند. این موضوع نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها در برنامه‌های به‌نژادی ذرت به‌عنوان والد مناسب، توانایی انتقال صفات مطلوب خود را به نتاج دارند.

به‌منظور ارزیابی گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها براساس کلیه صفات مورد مطالعه از روش تجزیه به عامل‌ها استفاده شد. در این آزمایش مقدار عددی آزمون KMO بزرگتر از ۰/۶ بود. معنی‌داری مقدار عددی آزمون بارتلت نیز همبستگی لازم بین صفات مورد بررسی جهت انجام تجزیه به عامل‌ها را توجیه نمود. مولفه‌های حاصل از تجزیه به عامل‌ها شامل میزان اشتراک، بارهای عاملی، مقادیر ویژه و درصد سهم تجمعی مربوط به هر کدام از عامل‌ها در جدول ۴ نمایش داده شده است. نتایج نشان داد که شش عامل اصلی در مجموع ۷۸/۶۴ درصد از تغییرات کل را توجیه کردند. عامل اول به تنهایی ۳۲/۰۲ درصد از کل تغییرات را توجیه کرد. مقادیر بارهای عاملی نشان داد که صفات طول برگ، عرض برگ، نسبت سطح برگ، شاخص سطح برگ و قطر ابتدای چوب بلال، مهم‌ترین صفات عامل اول بودند. عامل دوم ۱۵/۷۲ درصد از کل تغییرات را در برگرفت و صفات ارتفاع بوته، ارتفاع بلال، تعداد بلال، قطر وسط چوب بلال، وزن خشک بوته و زمان ظهور بلال اول، بالاترین وزن را در این عامل دارا بودند. عامل سوم نیز ۹/۴۳ درصد از کل تغییرات را به خود اختصاص داد و تنها با صفت زمان ظهور بلال دوم مرتبط بود. عامل چهارم ۷/۴۹ درصد از تغییرات را توجیه نمود و در بردارنده صفات وزن دانه در بوته، عدد کلروفیل‌متر و زمان ظهور گل‌آذین نر بود. عامل پنجم با توجیه ۶/۷۳ درصد از تغییرات، تنها صفت وزن چوب بلال را دربر داشت. عامل ششم نیز ۶/۲۳ درصد از کل تغییرات را توجیه نمود و دارای بیشترین بارعاملی از نظر صفت طول چوب بلال بود. در مجموع دو عامل اول و دوم ۴۸/۷۵ درصد از کل تغییرات را توجیه نمودند و این نشان می‌دهد در تجزیه به عامل‌ها براساس نشانگرهای ISSR که در برآورد ارزش اصلاحی صفات استفاده شدند، این مولفه ها درصد کمتری از واریانس کلی را توجیه می‌نمایند. نتیجه این که این نشانگرها فقط در یک قسمت ژنوم تجمع نیافته و به اندازه کافی در تمام سطوح ژنوم پراکنده هستند. در نتایجی مشابه حاتمی ملکی و همکاران (Hatami Maleki *et al.*, 2014) در ارزیابی تنوع ژنتیکی لاین‌های پیشرفته آفتابگردان با نشانگرهای ISSR با روش تجزیه به مولفه‌های اصلی نشان دادند که هر مولفه اصلی درصد تغییرات کمی را توجیه می‌کنند و این موضوع نشان دهنده پراکندگی ژنومی مناسب نشانگرهای ISSR می‌باشد.

Table 3. Estimation of breeding value of plant traits in maize genotypes

جدول ۳- برآورد ارزش اصلاحی صفات گیاهی در ژنوتیپ‌های ذرت

ردیف No.	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes	وزن دانه در بوته Grain weight.plant-1 (g)	رتبه Rank	ارتفاع بوته Plant height (cm)	رتبه Rank	ارتفاع بوته تا بلال Plant height to ear (cm)	رتبه Rank	طول برگ Leaf length (cm)	رتبه Rank	عرض برگ Leaf width (cm)	رتبه Rank	نسبت سطح برگ Leaf area ratio (cm2)	رتبه Rank	شاخص سطح برگ Leaf area index	رتبه Rank	تعداد بلال No. of ears	رتبه Rank	عدد کلروفیل‌متر SPAD Value (%)	رتبه Rank
1	Tenptato (White- First class)	65.42**	78	-28.59**	1	-16.71**	3	-3.45	29	-0.64	15	-39.72	19	-0.015	14	-0.24	22	4.75**	97
2	K1263-1388	20.72**	36	-18.54**	7	-2.02	21	0.08	58	0.17	59	7.96	59	0.002	57	-0.15	29	-2.67**	29
3	36-N/M-K3653/2	-29.43**	9	-23.14**	4	-7.73	10	-6.07*	13	-0.75*	13	-70.83**	8	-0.022**	9	0.003	42	3.4**	92
4	89-4*	26.22**	40	-20.21**	6	-15.76**	4	-8.61**	8	-0.87**	11	-89.89**	5	-0.03**	5	0.1	61	3.13**	91
5	9/K1911	-60.72**	5	-27.09**	3	-7.05*	13	-4.90*	18	-1.54**	1	-117.82**	1	-0.038**	1	0.38**	89	1.78**	84
6	74*/1388	41.55**	52	14.90*	54	0.46	25	-0.41	52	-0.09	44	2.52	56	0.0017	56	0.23	77	1.23**	78
7	8/K1911	3.36	22	32.10**	88	6.51	48	-0.83	48	0.09	53	-0.02	52	0.0011	55	0.2	73	-2.73**	28
8	25*/89	40.16**	50	23.50**	72	2.53	32	1.93	69	0.05	49	20.41	68	0.0056	67	0.15	67	2.6**	88
9	K1264 /1	138.10**	96	-12.41	13	-5.39	16	-0.003	56	-0.33	32	-10.27	41	-0.004	40	0.01	43	-1.47**	46
10	48*1390	47.16**	58	-12.94	12	-7.56	11	-5.38*	16	-0.99**	6	-76.06**	7	-0.025**	7	0.6**	97	4.61**	95
11	13/K19/1	-16.20**	13	18.59**	58	4.54**	40	-7.45**	9	0.86**	92	38.3**	79	0.009**	73	0.26*	79	-0.57**	61
12	11K1910	-55.06**	6	22.50**	68	16.60**	84	-0.22	55	-0.39	26	-15.63	36	-0.0057	36	0.34*	86	0.01**	64
13	5/K1911	18.41*	32	25.22**	76	13.24**	71	-3.78	25	-0.84**	12	-34.65	22	-0.013	20	0.14	65	2.08**	86
14	4/K1911	-0.54	20	-9.19	14	1.59	28	-3.13	32	-0.52	20	-47.05*	14	-0.016*	13	-0.18	26	-4.31**	13
15	7/K1911	104.65**	93	-0.85	22	1.73	30	-6.37**	12	-0.04	47	-40.79	18	-0.015*	16	0.37*	88	0.02**	65
16	6/K19/1	76.66**	83	-4.11	19	-8.24	8	-9.40**	4	-0.62*	16	-85.86**	6	-0.028**	6	0.05	50	-1.99**	41
17	2K1911	82.10**	86	-7.97	15	0.42	24	-10.37**	2	-1.05**	4	-94.35**	4	-0.032**	4	0.07	51	1.25**	79
18	55-N- K3640/S	25.73**	39	-0.34	24	-4.73	17	-5.77*	15	-0.1	42	-24.43	33	-0.0091	30	0.29	81	-2.27**	38
19	43*89 (Red cob corn)	32.07**	43	-17.61*	9	-20.83**	1	-9.12**	6	-0.95**	8	-104.9**	2	-0.036**	2	0.18	72	0.51**	68
20	172*/89	-10.49	16	40.96**	95	6.16	46	0.28	59	-0.9**	10	-30.5	25	-0.0093	28	0.57**	94	4.07**	93
21	67*/88	47.53**	59	22.72**	69	11.52*	63	-0.66	50	-0.15	37	-4.61	46	-0.0025	46	0.22	76	4.22**	94
22	23*89	-116.87**	2	16.54**	57	1.93	31	-4.16	22	0.44	78	17.55	64	0.0049	63	0.08	55	-3.89**	17
23	10/K 19/1	24.79**	38	7.30	36	-3.05	19	-9.40**	5	0.01	48	-44.47*	15	-0.0151*	15	0.41**	90	2.001**	85
24	1*/89 (Red cob corn)	-5.36	18	6.08	35	0.52	26	0.70	62	-0.97**	7	-43.43*	16	-0.014*	18	-0.01	40	2.91**	89
25	34*/1399	19.64*	34	11.28	41	7.47	50	-3.52	28	0.08	51	-2.18	51	-0.0013	48	0.25	78	0.98**	75
26	20*1399	37.93**	48	14.61*	51	13.00**	70	-5.34*	17	-0.15	38	-31.73	24	-0.0095	25	0.14	66	1.47**	82
27	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	120.48**	95	5.04	32	16.19**	81	3.99	83	0.1	54	34.2	76	0.0125	80	0.15	69	-0.66**	58
28	K19/1	7.76	24	10.16	38	18.35**	86	-1.02	45	0.39	75	7.31	58	0.004	62	-0.15	28	-4.71**	11
29	K166 11B/89	47.99**	63	-1.92	21	4.32	37	-6.002**	14	0.27	66	-25.83	32	-0.0093	29	-0.002	41	-4.15**	14
30	163*/6/15	-251.94**	1	30.40**	85	17.13**	85	-0.72	49	1.26**	94	96.63**	97	0.0308**	96	-0.32**	20	-3.25**	22
31	KE70012/ 1-12 -1388	13.44**	28	4.17	30	-8.41	7	-6.72**	11	0.54	83	-19.51	35	-0.0058	35	0.5**	93	1.14**	77
32	A679/420N89	24.67**	37	12.77	45	15.49**	77	3.08	77	-0.42	24	0.35	53	-0.0002	53	-0.01	39	0.59**	69
33	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	46.36**	57	26.02**	78	11.72*	64	3.75	80	0.35	71	45.11*	86	0.0147	84	0.04	45	0.68**	71
34	66*1388	36.18**	47	12.47	44	4.86	42	-1.38	43	0.15	56	3.49	57	-0.000097	54	0.08	58	-2.53**	31
35	70*1388	19.77*	35	18.97*	60	7.57	51	-1.02	46	0.41	76	18.86	65	0.0055	66	0.09	60	-0.3**	63
36	14*/89	8.39**	25	58.56**	97	29.53**	97	1.82	68	0.05	50	21.8	70	0.0053	65	0.34*	87	1.28**	80
37	6*/88	42.09**	53	-7.92	16	-8.70	6	-13.54**	1	0.16	57	-66.03**	10	-0.0232**	8	0.08	56	0.07**	66
38	3K19/1	63.74**	76	-3.66	20	2.80	33	-1.6	40	-0.62*	17	-42.57*	17	-0.0146*	19	-0.21	24	4.68**	96
39	K1263/1 (Sterilized)	-14.15**	14	-18.45**	8	-5.45	15	-3.85	24	-0.06	46	-33.25	23	-0.0107	24	0.16	70	-0.94**	54
40	1387/193/Chase*	8.57	26	-16.15*	10	-17.09**	2	-10.21**	3	-1.42**	2	-102.54**	3	-0.0350**	3	-0.38*	17	0.79**	72
41	K615/1	55.73**	69	13.26*	47	7.68	53	-1.67	38	-0.13	40	-10.83	40	-0.0051	39	0.05	49	1.04**	76
42	39*/89 (Sibcer)	32.23**	44	-13.85	11	4.43	38	-2.38	34	-0.46	22	-38.8	20	-0.0123	22	-0.2	25	-4.92**	10
43	16*/89	6.67	23	-0.55	23	5.14	43	0.41	61	1.01**	93	44.01	85	0.0141	86	-0.3*	19	-3.52**	19
44	115*13981 (White cob corn)	48.67**	64	19.55**	63	16.33**	82	3.93	82	0.52	81	56.54**	89	0.0187**	89	0.07	52	-1.06**	52
45	138*/89	59.40**	73	11.36	42	15.21**	75	2.54	73	-0.4	25	-2.84	50	-0.0008	50	0.12	62	1.63**	83
46	K19*/1392 (Isolate)	44.56**	55	10.53	40	14.74**	74	4.82*	89	-0.99**	5	-30.1	26	-0.0112	23	0.22	75	3.03**	90
47	P13L2	47.82**	62	4.60	31	4.51	39	-4.08	23	0.62	87	-3.67	48	-0.0011	49	0.27	80	-4.01**	15
48	P19L17 Kahia	86.57**	89	13.07	46	-2.27	20	-2.19	35	0.36	72	1.7	55	0.0030	59	0.09	59	-2.74**	27
49	P15L16	89.47**	90	37.31**	92	15.84**	79	-3.68	27	0.33	69	-5.72	45	-0.0026	45	-0.09	32	0.67**	70
50	P6L1	49.39**	65	13.32*	48	5.39	45	-2.11	36	-0.07	45	-27.61	27	-0.0085	31	-0.02	37	-0.33**	62
51	P3L2	63.66**	75	14.49	50	-0.42	23	-4.22	19	0.33	68	-5.77	44	-0.0027	44	0.32	83	-0.96**	53
52	P14L1 Kahia	28.87**	42	35.40**	90	24.77**	94	3.35	78	0.2	61	32.54	74	0.0123	79	-0.03	35	-4.46**	12
53	P19l3	76.48**	82	24.97**	75	12.67**	66	0.34	60	-0.29	34	-15.63	37	-0.0052	37	0.07	53	-5.55**	6
54	P9L3 Kahia	-2.73	19	27.41**	80	6.73	49	-3.15	31	0.55	84	41.16**	81	0.0118*	78	-0.53**	8	-3.31**	21
55	P15 L16 Kahia	51.29**	66	48.77**	96	7.67	52	-1.75	37	-0.1	43	-12.2	39	-0.0052	38	0.12	63	-1.1**	51
56	P11L7	47.64**	60	19.87**	64	6.31	47	-3.07	33	-0.34	30	-38.49	21	-0.0124	21	0.57**	95	-0.77**	57
57	P14L2	79.58**	85	28.10**	82	8.97	56	-3.44	30	0.85**	91	23.14	71	0.0075	70	0.33*	13	-3.07**	24
58	P14L2	39.13**	49	24.42**	74	10.31*	60	-1.25	44	0.61	86	29.26	73	0.0096	74	0.59**	96	2.5**	87
59	P10L5	66.45**	79	40.74**	94	15.78**	78	3.84	81	1.2**	95	92.63**	95	0.0305**	95	0.3	82	-2.49**	32
60	P16L6 Kahia	85.16**	88	24.14**	73	8.55	55	4.25	86	1.41**	97	94.71**	96	0.0328**	97	0.14	64	-1.98**	42
61	P16L4 Kahia	-36.9**	7	28.41**	83	21.23**	91	5.63**	94	0.54	79	50.32**	88	0.0182**	88	-0.02	36	-0.93**	55
62	P15L4	116.002**	94	20.63**	66	13.91**	72	-0.44	51	0.81*	90	33.53	75	116.002	75	0.026	44	-5.36**	8
63	P1L4 (Dialell- Karaj)	96.53**	92	20.52**	65	11.36*	62	2.74	76	0.23	62	20.18	67	0.0074	69	-0.12	31	-2.31**	37
64	P11L6	75.75**	80	14.73*	53	9.62	59	1.3	66	0.26	64	21.4	69	0.0080	71	0.21	74	-6.23**	4
65	P9L6	35.29**	46	31.04**	86	25.38**	95	3.47	79	0.25	63	39.2	80	0.0129	82	0.08	54	-3.38**	20
66	P13L3	58.71**	72	27.42**	81	16.07**	80	1.09	64	-0.15	39	-4.54	47	-0.0020	47	0.17	71	0.917**	74
67	P3L11	84.04**	87	35.50**	91	19.11**	88	4.53	88	0.11	55	29.15	72	0.0088	72	0.086	57	-0.91**	56
68	P3L1	47.77**	61	23.02**	70	15.38**	76	2.68	74	-0.3	33	-3.46	49	-0.0004	51	0.33*	84	1.38**	81
69	P10L7	55.88**	70	29.08**	84	14.07**	73	-1.53	41	0.38	74	15.01	63	0.0050	64	0.42**	91	-1.36**	49
70	P16L12 Kahia	2.48	21	35.39**	89	18.66**	87	-0.88	47	0.17	58	9.93	60	0.0027	58	0.05	48	-2.39**	34
71	P1L15 Kahia	64.58**	77	39.63**	93	27.28**	96	4.08	84	0.32	67	43.00	84	0.0135	83	0.04	47	-5.53**	7
72	P19L5 Kahia	42.71**	54	13.47**	49	4.10	36	-1.4	42	-0.92**	9	-48.47**	12	-0.0160**	12	-0.15	27	-2.42**	33
73	P10L9	150.18**	97	31.20**	87	20.11**	90	0.89	63	1.27**	96	69.25**	92	0.0234**	93	0.04	46	-1.39**	48
74	K615/1	19.61**	33	-21.39**	5	-4.07	18	2.32	71	-1.13**	3	-47.68*	13	-0.0151*	17	-0.05	34	-1.57**	44
75	OH43/1-42	58.51**	71	10.18	39	12.99**	69	10.04**	97	0.43	77	86.14**	94	0.0289**	94	-0.01	38	-2.31**	36

Table 3. Continued

جدول ۳- ادامه

ردیف No.	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes	وزن دانه در بوته Grain weight.plant-1 (g)	رتبه Rank	ارتفاع بوته Plant height (cm)	رتبه Rank	ارتفاع بوته تا بلال Plant height to ear (cm)	رتبه Rank	طول برگ Leaf length (cm)	رتبه Rank	عرض برگ Leaf width (cm)	رتبه Rank	نسبت سطح برگ Leaf area ratio (cm2)	رتبه Rank	شاخص سطح برگ Leaf area index	رتبه Rank	تعداد بلال No. of ears	رتبه Rank	عدد کلروفیل‌متر SPAD Value (%)	رتبه Rank
76	K12264/ 5-1	54.66**	68	-4.51	17	-6.4	14	-1.67	39	-0.34	31	-26.35	31	-0.0093	26	0.16	68	-3.64**	18
77	R=59	-62.76**	4	11.67*	43	16.42**	83	4.18*	85	-0.11	41	19.38	66	0.0060	68	-0.38**	18	-2.04**	40
78	K615/1	76.13**	81	0.26	25	-7.41*	12	-3.7	26	-0.55	21	-26.67	29	-0.0072	33	-0.07	33	-3.9**	16
79	B73	-79.48**	3	1.88**	27	12.45**	65	2.27	70	0.72**	88	41.95**	83	0.0127**	81	0.501**	92	0.9**	73
80	OH43/1042 (Paternal)	45.52**	56	26.97**	79	23.81**	92	5.5*	93	-0.52	19	10.83	61	0.0034	60	-0.51**	10	-3.03**	25
81	R59 (Paternal)	62.73**	74	5.92	34	5.24	44	-0.32	54	-0.26	35	-9.8	42	-0.0031	42	-0.13	30	-5.69**	5
82	Super sweet-1387 Basin	10.82	27	-4.37	18	-8.16	9	-0.33	53	-0.37	28	-21.7	34	-0.0071	34	-0.67**	1	-6.3**	3
83	Challenged 1389/st	-30.4**	8	-28.04**	2	-8.9	5	5.13	90	0.35	70	71.58**	93	0.0230**	92	-0.53**	9	-3.2**	23
84	Sweet white/ 1390	26.48**	41	15.65*	55	12.98*	68	6.74**	95	0.27	65	48.11*	87	0.0166	87	-0.502**	13	0.13**	67
85	52*Sweet	77.57**	84	15.85*	56	0.88	27	5.35*	92	0.18	60	34.56	77	0.0115*	76	-0.65**	4	-1.11**	50
86	Popcorn-53 or 54 (Linear)	15.33	29	25.44**	77	19.92**	89	1.1	65	-0.47	27	-12.95	38	-0.0035	41	-0.51**	11	-0.58**	60
87	W37a	92.92**	91	18.59**	59	9.22*	57	-7.21**	10	0.86*	89	0.4	54	-0.0004	52	-0.65**	3	-2.07**	39
88	KS13	-22.76**	11	5.11	33	23.91**	93	1.4	67	0.51	80	35.15	78	0.0117	77	-0.49**	14	-1.93**	43
89	R319	35.19**	45	21.28**	67	7.83	54	0.03	57	-0.44	23	-27.53	28	-0.0093	27	-0.59**	5	-2.39**	35
90	R59 (Paternal)	-13.73*	15	3.08	29	-1.86	22	-4.2	20	-0.75*	14	-58.7**	11	-0.0195**	11	-0.46**	15	-9.31**	2
91	W153R	-28.88**	10	9.902	37	1.67	29	-8.95**	7	-0.35	29	-66.52**	9	-0.0223**	10	-0.56**	7	-1.42**	47
92	K1533 Popcorn	53.44**	67	0.26	25	3.91	35	-4.18	21	0.08	52	-26.53	30	-0.0082	32	-0.26	21	-22.19**	1
93	R59*R (Double cross- maternal)	-20.64**	12	14.68*	52	4.83	41	2.4	72	-0.17	36	14.42	62	0.0039	61	-0.23	23	-5.11**	9
94	B73(RFC or CMS)	18.07**	31	2.9	28	12.98**	67	7.74**	96	0.38	73	64.48**	91	0.0212**	91	-0.506**	12	-0.65**	59
95	1264/ 1	16.48*	30	18.98**	62	3.17	34	5.2*	91	0.54	82	58.7**	90	0.0193**	90	-0.56**	6	-2.88**	26
96	MO17	-7.49	17	23.03**	71	9.34	58	2.67	74	0.57	85	41.76	82	0.0140	85	-0.67**	2	-2.6**	30
97	ZK472221	41.21**	51	18.98**	61	11.12*	61	4.52*	87	-0.56	18	-7.16	43	-0.0031	43	-0.41**	16	-1.48**	45
	وراثت پذیری خصوصی Narrow sense heritability (%)	–		59		48		42		52		53		-		48		0.12	-
	Student-T-test	–		125.65**		72.76**		31.74**		4.23**		318.22**		-		2.26**		24.45**	-

Table 3. Continued

جدول ۳- ادامه

ردیف No.	ژنوتیپ‌های ذرت Maize genotypes	وزن چوب بلال Cob weight (g)	رتبه Rank	قطر ابتدای چوب بلال Diameter of cob tip (cm)	رتبه Rank	قطر وسط چوب بلال Middle diameter of cob (cm)	رتبه Rank	طول چوب بلال Length of cob (cm)	رتبه Rank	وزن خشک بوته Plant dry weight (g)	رتبه Rank	زمان ظهور گل نر Tassle emergence (day)	رتبه Rank	زمان ظهور بلال اول First ear emergence (day)	رتبه Rank	زمان ظهور بلال دوم Second ear emergence (day)	رتبه Rank	مجموع رتبه Total rank	میانگین رتبه Average rank
1	Tenptato (White- First class)	-17.49**	7	-0.47**	1	0.5**	97	4.95**	35	-8.9	7	-12.28	1	-5.35**	10	-2.67	22	458	26.94
2	K1263-1388	-7.14**	25	-0.184	22	-0.16	19	5.53**	42	-0.33	29	-3.58	35	0.16	57	0.82	59	643	37.82
3	36-N/M-K3653/2	0.86	42	-0.18	24	-0.23	9	4.00**	26	4.16	51	-2.61	47	-0.32	46	-1.85	29	474	27.88
4	89-4*	-2.14	38	-0.384**	2	-0.36*	2	0.76	6	-8.47	8	-6.2	13	-1.65	30	0.28	53	383	22.52
5	9/K1911	11.56**	81	-0.149	29	0.08	79	-0.66	2	-7.9	11	-5.37	20	-0.53	39	0.47	55	531	31.23
6	74*/1388	-13.18**	13	-0.048	47	0.002	64	9.63**	89	2.89	42	-4.66	25	-3.69*	15	-1.61	31	820	48.23
7	8/K1911	-14.67**	9	0.06	71	0.054	75	6.73**	61	2.71	41	-3.73	34	6.71**	95	7.32**	92	945	55.58
8	25*/89	14.34**	85	0.189	83	0.15	85	2.06	10	8.64	77	4.03	90	-0.405	42	-4.75*	7	1041	61.23
9	K1264 /1	2.75	50	-0.155	28	-0.08	40	0.38	4	-0.85	26	-2.11	53	-0.400	43	5.3*	89	716	42.11
10	48*1390	-11.4**	18	-0.367**	3	-0.2	11	5.7**	46	-8.44	9	-8.15	5	-5.77**	5	-2.18	25	431	25.35
11	13/K19/1	7.36**	68	0.516**	97	0.24*	95	5.04**	36	10.18*	83	-0.94	63	0.13	56	10.52**	97	1099	64.64
12	11K1910	7.26**	66	-0.013	52	-0.0575	47	3.63**	22	9.73	79	-3.46	36	5.63**	93	3.42	78	934	54.94
13	5/K1911	-13.13**	14	0.041	69	-0.085	38	5.65**	45	8.59	76	-6.51	10	-2.43	22	-2.13	26	709	41.70
14	4/K1911	14.1**	84	0.219	87	0.07	78	3.01**	18	8.17	70	5.86	95	-0.19	48	-2.06	27	687	40.41
15	7/K1911	-8.89**	21	-0.085	43	-0.05	48	6.9**	64	5.45	60	-5.76	16	0.94	62	1.65	67	772	45.41
16	6/K19/1	8.47**	75	0.006	58	0.003	65	3.51**	21	2.4	40	2.17	79	1.21	68	4.28*	86	725	42.64
17	2K1911	-18.83**	4	-0.049	46	-0.16	20	7.05**	66	-2.01	21	-4.75	23	-2.72	21	-3.1	18	488	28.70
18	55-N- K3640/S	-13.55**	11	0.006	60	-0.09	36	4.38**	29	-5.56	14	-4.68	24	-3.87*	14	-1.62	30	537	31.58
19	43*89 (Red cob corn)	17.4**	91	0.011	10	-0.0574	49	1.1	7	-10.34	5	-10.82	2	-5.5**	7	-3.73	12	394	23.17
20	172*/89	1.66	44	-0.252	63	0.06	76	6.15**	52	6.22	63	-3.45	37	0.99	64	4.26	85	950	55.88
21	67*/88	2.43	46	0.019	48	-0.1	34	7.35**	68	3.75	47	-7.83	7	-2.13	26	-1.01	37	853	50.17
22	23*89	-0.13	40	-0.039	81	0.21	94	2.49**	12	8.45	74	-3.1	40	-1.64	31	2.98	76	837	49.23
23	10/K 19/1	2.01	45	0.154	54	0.09	80	5.48**	41	4.86	57	-4.04	30	0.106	53	3.93	81	792	46.58
24	1*/89 (Red cob corn)	-12.44**	15	-0.012*	7	-0.19	14	4.41**	30	-1.95	22	-4.08	29	-5.22**	11	-4.79*	6	445	26.17
25	34*/1399	-13.54**	12	-0.286	42	-0.07	42	6.31**	55	4.61	53	-6.32	12	0.53	59	-1.11	36	767	45.11
26	20*1399	-7.06**	26	-0.128	32	-0.28*	3	6.72**	60	7.59	68	-7.47	8	-1.56	32	-3.7	13	663	39.00
27	S2/QPM/SUKMA (Indonesia)	-5.11**	31	0.111	76	-0.02	54	5.23**	38	15.12**	94	-1.75	57	1.07	67	-2.52	23	1068	62.82
28	K19/1	-8.07**	24	0.033	66	-0.06	44	5.6**	43	6.4	65	1.2	70	4.84**	90	3.82	80	909	53.47
29	K166 11B/89	15.94**	88	0.178	82	-0.08	37	3.13**	19	1.48	37	-2.22	52	2.18	74	-0.79	42	748	44.00
30	163*/6/15	-10.81**	19	-0.053	45	-0.16	21	3.75**	23	8.44	72	-2.51	48	3.05**	81	9.72**	96	954	56.11
31	KE70012/ 1-12 -1388	2.58	47	0.313*	95	0.13	83	4.78**	33	-1.84	23	-0.54	64	-2.15	24	-2.96	19	787	46.29
32	A679/420N89	-3.33	35	-0.075	44	-0.013	59	6.09**	51	12.31	88	-2.38	49	0.04	52	4.25	84	936	55.05
33	K18-B /1392 (Indonesia-Colombia)	-17.64**	6	-0.128	31	-0.06	46	8.22*	76	13.94*	91	-5.77	15	-0.55	38	2.94	75	1014	59.64
34	66*1388	-12.07**	16	0.099	74	0.169	89	4.63**	32	3.64	46	5.58	94	5.21**	91	2.48	71	945	55.58
35	70*1388	2.72	49	0.122	78	0.167	87	4.01**	27	5.42	59	2.54	81	2.54	75	3.22	77	1055	62.05
36	14*/89	4.41	56	0.286*	93	0.1785	91	14.23**	97	20.17**	97	-1.48	60	0.12	55	0.34	54	1242	73.05
37	6*/88	5.6	61	-0.162	27	-0.12	32	6.04**	50	-6.08	13	-2.35	50	-2.260	23	-1.24	34	563	33.11
38	3K19/1	10.29**	78	-0.122	35	-0.015	58	0.29	3	1.92	38	-3.99	32	-1.7	29	-3.68	14	629	37.00
39	K1263/1 (Sterilized)	16.07**	89	-0.17	26	-0.15	22	5.45**	39	-7.59	12	-7.42	9	-5.373**	9	-7.56**	2	486	28.58
40	1387/193/Chase*	-4.58*	32	-0.362*	4	-0.19	13	5.79**	47	-18.4**	1	-8.01	6	-5.786**	4	0.26	52	297	17.47
41	K615/1	5.49*	59	-0.103	41	0.017	67	5.48**	40	1.22	36	0.65	67	-3.91*	13	-5.64**	4	778	45.76
42	39*/89 (Sibcer)	3.19	52	-0.191	20	-0.067	45	4.41**	31	-8.3	10	-1.64	58	-6.02**	3	-2.71	21	466	27.41
43	16*/89	5.56	60	-0.263	9	-0.13	28	2.15*	11	0.52	31	3.87	89	-0.89	34	-0.33	48	762	44.82
44	115*13981 (White cob corn)	-10.5**	20	-0.023	50	-0.178	15	7.9**	73	8.3	71	3.47	85	1.35	69	-1.51	32	1069	62.88
45	138*/89	-2.4	37	-0.213	15	-0.14	25	6.28**	54	0.97	32	-2.64	46	-1.96	28	0.55	56	826	48.58
46	K19*/1392 (Isolate)	23.46**	97	-0.221	13	-0.12	30	0.47	5	8.45	73	0.41	66	-8.19**	1	-3.68	15	777	45.70
47	P13L2	14.58**	86	0.04	67	0.04	74	6.01**	48	2.02	39	-1.92	55	-5.63**	6	-5.18*	5	814	47.88
48	P19L17 Kahia	2.6	48	-0.174	25	-0.07	41	8.58**	82	-0.37	28	-5.57	18	-2.07	27	1.17	62	793	46.64
49	P15L16	3.83	54	-0.003	57	-0.03	52	8.39**	79	14.72*	93	-6.41	11	2.9	79	2.03	68	1042	61.29
50	P6L1	7.6**	69	0.087	73	0.21	92	8.71**	83	16.19**	96	-4.18	28	-0.06	50	-3.82	10	897	52.76
51	P3L2	20.52**	96	0.205	85	0.12	82	5.61**	44	8.98	78	-5.6	17	-5.41**	8	-0.91	39	908	53.41
52	P14L1 Kahia	-11.61**	17	0.131	79	-0.050	50	8.03**	74	12.08*	87	5.21	92	3.76*	85	1.54	66	1115	65.58
53	P19l3	12.32**	83	0.06	70	0.043	71	9.81**	91	8.46	75	2.66	82	1.37	70	-0.78	43	1035	60.88
54	P9L3 Kahia	-15.91**	8	0.012	61	0.040	70	10.1**	93	4.78	56	-3.25	39	-2.14	25	-3.8	11	814	47.88
55	P15 L16 Kahia	-3.86*	33	0.1119	77	-0.048	51	8.26**	77	5.19	58	-1.85	56	-0.32	45	-3.35	16	898	52.82
56	P11L7	20.2**	95	0.146	80	0.168	88	8.11**	75	4.65	55	-4.03	31	-0.58	37	-0.8	41	930	54.70
57	P14L2	-22.68**	3	0.275*	92	0.02	69	10.54**	95	9.84	80	-3.98	33	4.21*	87	-0.47	47	1111	65.35
58	P14L2	10.21**	77	0.256*	91	0.178	90	7.87**	72	10.25	84	-2.98	42	-3.17	18	-0.98	38	1155	67.94
59	P10L5	16.47**	90	0.34*	96	0.16	86	7.77**	70	13.97*	92	-1.21	62	-0.81	35	1.31	63	1325	77.94
60	P16L6 Kahia	6.81**	65	0.254*	90	0.21	93	8.55**	88	12.75*	89	-3.36	38	2.17	73	-0.9	40	1274	74.94
61	P16L4 Kahia	-1.82	39	-0.221	14	-0.09	35	9.86**	81	15.9**	95	-2.66	45	-0.38	44	-7.18**	3	977	57.47
62	P15L4	18.42**	93	0.007	59	0.07	77	7.34**	92	9.86	81	-5.87	14	-3.58*	16	-2.34	24	1031	60.64
63	P1L4 (Dialell- Karaj)	7.85*	71	0.0269	65	0.0002	63	-0.038**	67	6.7	66	1.83	77	-2.89	20	-0.16	50	1040	61.17
64	P11L6	4.14*	55	0.0268	64	-0.27	4	8.89**	84	3.46	44	-2.88	43	0.93	61	-0.69	44	939	55.23
65	P9L6	4.44**	57	0.11116	75	0.015	66	7.02**	65	7.09	67	1.31	73	0.11	54	2.49	72	1134	66.70
66	P13L3	7.96**	72	-0.018	51	0.09	81	9.46**	87	4.63	54	-2.86	44	-4.97**	12	-3.92	9	985	57.94
67	P3L11	18.25**	92	0.012	62	0.043	72	8.48**	80	5.81	61	-4.84	22	-0.59	36	-0.23	49	1140	67.05
68	P3L1	7.7**	70	0.208	86	-0.001	62	9.66**	90	13.41*	90	-4.23	27	0.51	58	-0.58	46	1108	65.17
69	P10L7	20.1**	94	0.192	84	0.044	73	7.68**	69	10.86	86	-1.55	59	1.05	66	4.01	82	1206	70.94
70	P16L12 Kahia	2.79	51	-0.012	55	-0.016	57	6.35**	56	10.18	82	-4.35	26	0.03	51	5.91**	90	970	57.05
71	P1L15 Kahia	15.33**	87	-0.006	56	-0.003	60	8.37**	78	10.4	85	-1.47	61	-3.56	17	-1.11	35	1117	65.70
72	P19L5 Kahia	-8.68	22	-0.107	39	-0.14	26	11.57**	96	-3.53	18	-8.92	4	0.699	60	1.48	65	604	35.52
73	P10L9	6.2*	63	0.302*	94	0.14	84	10.28**	94	7.73	69	-5.08	21	1.41	71	8.23**	95	1303	76.64
74	K615/1	-2.92	36	-0.267*	8	-0.145	24	6.02**	49	-10.91	4	-2.24	51	0.98	63	1.39	64	537	31.58
75	OH43/1-42	0.32	41	0.246	89	0.26	96	6.67**	59	6.07	62	1.21	71	5.92**	94	7.04**	91	1218	71.64
76	K12264/ 5-1	-6.16*	29	-0.207	16	-0.17	16	2.5*	13	-1.69	24	-1.93	54	2.6	76	-0.64	45	585	34.41
77	R=59	9.54*	76	-0.013	33	-0.02	53	1.76*	9	3.48	45	1.69	75	5.24**	92	0.77	58	889	52.29
78	K615/1	-36.53**	1	-0.320**	6	-0.25*	6	9.36**	86	-4.64	15	2.4	80	-0.47	41	-7.86**	1	512	30.11
79	B73	11.98	82	-0.336**	5	-0.38**	1	-4.33**	1	4.14	50	1.7	76	2.98*	80	3.5	79	956	56.23
80	OH43/1042 (Paternal)	-14.25**	10	0.224	88	0.022	68	7.84**	71	1.13	34	23.73**	97	1.74	72	-2.009	28	963	56.64
81	R59 (Paternal)	-8.43**	23	-0.013	53	-0.13	27	2.81**	14	-10.2	6	3.7	87	4.36*	88	0.59	57	715	42.05
82	Super sweet-1387 Basin	8.13**	74	-0.118	36	-0.11	33	3.5**	20	-15.51*	2	3.47	84	2.79	78	0.89	61	594	34.94
83	Challenged 1389/st	-28.28**	2	-0.232	12	-0.08	39	6.31**	53	-2.17	20	1.26	72	-1.04	33	-3.31	17	640	37.64
84	Sweet white/ 1390	-3.5	34	-0.1073	40	-0.002	61	4.2**	28	3.84	48	5.47	93	-0.17	49	-4.51	8	939	55.23
85	52*Sweet	-6.59	27	-0.1079	38	-0.017	56	6.78**	62	3.15	43	3.72	88	8.49**	96	4.66	88	1024	60.23
86	Popcorn-53 or 54 (Linear)	-6.42*	28	-0.193	19	-0.19	12	6.39**	57	3.93	49	-0.36	65	3.33	84	0.86	60	811	47.70
87	W37a	10.65**	79	0.04	68	-0.123	31	2.89**	63	1.16	35	-3.04	41	-0.25	47	4.14	83	901	53.00
88	KS13	-5.53**	30	-0.2040	18	-0.16	18	3.79**	16	-1.45	25	7.6	96	8.62**	97	7.72*	94	890	52.35
89	R319	10.69**	80	-0.027	49	-0.07	43	3.79**	24	0.03	30	2.16	78	2.64	77	-1.47	33	755	44.41
90	R59 (Paternal)	1.11	43	-0.186	21	-0.25	5	1.45	8	-14.63*	3	3.1	83	3.28	83	2.37	70	455	26.76
91	W153R	7.31**	67	0.076	72	-0.022	55	2.97**	17	1.02	33	4.86	91	4.02*	86	4.63	87	693	40.76
92	K1533 Popcorn	3.79	53	-0.123	34	-0.15	23	5.15**	37	-4.63	16	0.67	68	4.78**	89	2.07	69	673	39.58
93	R59*R (Double cross- maternal)	-17.65**	5	-0.2046	17	-0.13	29	3.85**	25	-2.21	19	-9.27	3	-6.61**	2	2.77	74	542	31.88
94	B73(RFC or CMS)	8.08**	73	-0.2459*	11	-0.225	10	4.87**	34	4.3	52	1.46	74	-2.89	19	-2.96	20	841	49.47
95	1264/ 1	5.93*	62	-0.1821	23	-0.175	17	2.87**	15	-3.87	17	0.86	69	1.008	65	7.59**	93	872	51.29
96	MO17	6.43	64	-0.112	37	-0.23	8	6.4**	58	6.26	64	3.56	86	3.25	82	2.58	73	976	57.41
97	ZK472221	4.88	58	-0.135	30	-0.24	7	8.91**	85	-0.77	27	-5.4	19	-0.47	40	0.25	51	742	43.64
	وراثت پذیری خصوصی Narrow sense heritability (%)	–		42		23		-		33		98		46		55			
Student-T-test		–		1.3**		1.04**		-		52.6**		33.63**		24.06**		26.24**			

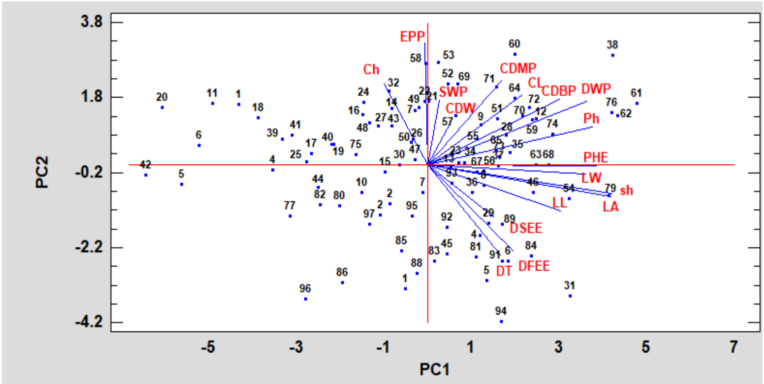
* and **: Significant at 5% and 1% probability levels, respectively. The dash in front of the heritability column shows values that estimated more than on

* و **: به‌ترتیب معنی‌دار در سطوح احتمال پنج و یک درصد. خط تیره در مقابل ستون وراثت پذیری مقادیری را نشان می‌دهد که بیشتر از یک برآورد شده‌اند

جدول ۴- نتایج تجزیه به عامل‌ها با چرخش وریماکس در ژنوتیپ‌های ذرت بر اساس ارزش اصلاحی صفات گیاهی مورد ارزیابی

Table 4. Results of principal component analysis with Varimax rotation in maize genotypes based on breeding value of studied plant traits

Plant traits	صفات گیاهی	عامل اول First factor	عامل دوم Second factor	عامل سوم Third factor	عامل چهارم Fourth factor	عامل پنجم Fifth factor	عامل ششم Sixth factor	میزان اشتراک Extraction
Grain weight.plant^{-1} (g)	وزن دانه در بوته	0.052	0.4	-0.222	<u>-0.633</u>	0.221	0.009	0.662
Plant height (cm)	ارتفاع بوته	0.242	<u>0.751</u>	0.367	0.017	0.097	0.172	0.796
Plant height to ear (cm**)**	ارتفاع بوته تا بلال	0.298	<u>0.858</u>	0.106	0.105	0.070	0.011	0.853
Leaf length (cm)	طول برگ	<u>0.639</u>	0.273	-0.442	0.198	0.211	0.167	0.790
Leaf width (cm)	عرض برگ	<u>0.842</u>	0.095	0.353	0.118	0.151	0.032	0.881
Leaf area ratio (cm2**)**	نسبت سطح برگ	<u>0.890</u>	0.401	0.065	0.133	0.092	0.046	**0.986**
Leaf area index	شاخص سطح برگ	<u>0.886</u>	0.406	0.060	0.146	0.086	0.054	**0.986**
No. of ears	تعداد بلال	-0.023	<u>0.744</u>	0.188	0.213	-0.130	-0.009	0.652
SPAD Value (%)	عدد کلروفیل‌متر	-0.29	0.495	-0.150	<u>0.538</u>	-0.163	0.217	0.678
Cob weight (g)	وزن چوب بلال	0.103	0.270	0.391	0.186	<u>0.706</u>	0.074	0.775
Diameter of cob tip (cm)	قطر ابتدای چوب بلال	<u>0.633</u>	0.409	0.468	-0.225	0.058	0.030	0.841
Middle diameter of cob (cm)	قطر وسط چوب بلال	0.356	<u>0.515</u>	0.339	-0.087	0.119	-0.190	0.564
Length of cob (cm)	طول چوب بلال	0.145	0.372	0.368	-0.027	-0.339	<u>0.664</u>	0.852
Plant dry weight (g)	وزن خشک بوته	0.325	<u>0.689</u>	0.418	-0.231	0.063	0.006	0.813
Tassle emergence (day)	زمان ظهور گل نر	0.030	0.354	-0.081	<u>0.708</u>	0.123	-0.275	0.725
First ear emergence (day)	زمان ظهور بلال اول	0.414	<u>-0.516</u>	0.424	-0.186	-0.292	0.232	0.791
Second ear emergence (day)	زمان ظهور بلال دوم	0.322	-0.313	<u>0.596</u>	0.092	-0.393	-0.079	0.725
Eigenvalue	مقادیر ویژه	5.614	2.674	1.603	1.274	1.144	1.060	-
Cumulative proportion of explained variance	سهم تجمعی	33.026	48.755	58.185	65.681	72.413	78.646	-

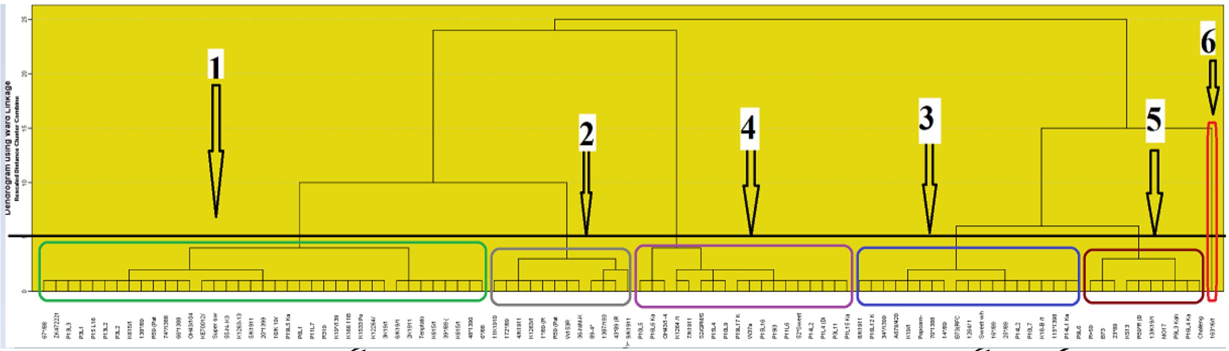


شکل ۳- پلات دو بعدی ژنوتیپ‌های ذرت بر اساس مولفه‌های اول و دوم

Fig. 3. 2D Biplot of maize genotypes based on first and second components

براساس نتایج گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ذرت با استفاده از تجزیه خوشه‌ای و بر اساس ارزش اصلاحی صفات، ژنوتیپ‌های ذرت در شش گروه قرار گرفتند که در گروه‌های اول تا ششم به‌ترتیب ۳۷، ۱۲، ۱۹، ۱۸، ۱۰ و ۱ ژنوتیپ قرار گرفتند (شکل ۳). براساس نتایج تابع تشخیص، بهترین محل برش دندروگرام تایید شد. براین اساس گروه‌بندی ژنوتیپ‌ها با احتمال ۹۳/۸ درصد به درستی انجام گرفته است (جدول ۴). بیشتر از نیمی از ژنوتیپ‌های گروه‌بندی شده در خوشه اول از نظر کلیه صفات مورد بررسی دارای ارزش اصلاحی متوسط رو به بالایی داشتند. ژنوتیپ‌های ۱۷، ۱۸، ۷۴، ۷۸، ۸۱ و ۸۲ از نظر اکثر صفات دارای ارزش اصلاحی منفی بودند. این موضوع نشان می‌دهد که این ژنوتیپ‌ها والدین مناسبی برای انتقال صفات به نتاج نیستند. ژنوتیپ ۱ Tenptato که به عنوان ژنوتیپ امیدبخش و دارای بالاترین ارزش‌های اصلاحی برای صفات عدد کلروفیل‌متر و قطر وسط چوب بلال شناخته شد، در این گروه قرار داشت. به جز ژنوتیپ‌های ۱۲ (11K1910) و ۲۰ (172*/89) که ارزش اصلاحی بالایی داشتند، تقریبا کلیه ژنوتیپ‌هایی که در خوشه دوم قرار گرفته بودند از نظر کلیه صفات مورد ارزیابی ارزش اصلاحی متوسط رو به پایینی داشتند. به‌غیر از ژنوتیپ‌های ۲۵، ۴۳، ۸۶ و ۹۴ که از نظر کلیه صفات مورد مطالعه ارزش‌های اصلاحی متوسطی داشتند، تمام ژنوتیپ‌های قرارگرفته در خوشه سوم دارای رتبه‌های اصلاحی بسیار بالایی بودند. ژنوتیپ 14*/89 به عنوان ژنوتیپ امیدبخش معرفی شده در خوشه سوم دارای بالاترین ارزش اصلاحی بود. ژنوتیپ‌های گروه چهارم به دلیل دارا بودن بالاترین مجموع رتبه‌های اصلاحی برای کلیه صفات، به جز ژنوتیپ‌های 1/ K1264 و 7/K1911، به عنوان بهترین گروه از نظر ارزش‌های اصلاحی در آزمایش حاضر شناخته شدند. از ژنوتیپ‌های این گروه می‌توان در برنامه‌های دورگ‌گیری ذرت جهت افزایش ارزش نسبی صفات در حال تفرق استفاده کرد. لازم به ذکر است که حداکثر مجموع رتبه‌های ارزش اصلاحی در این گروه مربوط به ژنوتیپ PL0L5 بود. در خوشه پنجم ژنوتیپ‌هایی قرار گرفتند که با در نظر گرفتن ارزش‌های اصلاحی کل صفات، متوسط رو به بالا بودند. ژنوتیپ KS13 با دارا بودن حداکثر رتبه اصلاحی برای زمان ظهور بلال دوم در این گروه به‌عنوان والد منتخب جهت افزایش نسبی ارزش کلیه صفات در گزینش اصلاحی می‌تواند معرفی شود. تنها ژنوتیپ قرار گرفته در خوشه ششم، ژنوتیپ 163*/6/15 بود که برای صفات نسبت سطح برگ و وزن دانه در بوته، به‌ترتیب حائز بالاترین و پایین‌ترین ارزش‌های اصلاحی بود. صادقی و رحیمی (Sadeghi and Rahimi, 2017) با محاسبه درصد انحراف از میانگین خوشه‌ها از میانگین کل در ژنوتیپ‌های

ذرت نشان دادند که این انحرافات تا حدی می‌توانند نشان دهنده وجود تنوع در ژنوتیپ‌های ذرت باشند. بنابراین می‌توان این طور استنباط کرد که در آزمایش حاضر ژنوتیپ‌های هر خوشه قرابت و تشابه ژنتیکی بیشتری نسبت به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های متفاوت دارند. در نتیجه در برنامه‌های به‌نژادی مربوط به دورگ گیری برای بهره‌وری بیشتر می‌توان با توجه به ژنوتیپ‌های موجود در خوشه‌های مختلف و ارزش میانگین فنوتیپی صفات، از پدیده‌هایی مانند هتروزیس و تفکیک متجاوز استفاده کرد.



شکل ۴- گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ذرت بر اساس ارزش اصلاحی صفات گیاهی مورد ارزیابی

Fig. 4. Grouping of maize genotypes bases on breeding value of studied plant traits

جدول ۵- نتایج تابع تشخیص برای صحت گروه‌بندی ژنوتیپ‌های ذرت بر اساس ارزش‌های اصلاحی صفات گیاهی مورد ارزیابی

Table 5. Results of canonical discriminant functions for accuracy classification of maize genotypes based on breeding value of studied plant traits

	گروه های پیش بینی شده بر اساس تابع تشخیص Predicted groups based on discriminant function													
	1		2		3		4		5		6			
خوشه‌ها Clusters	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total	درصد %	مجموع Total
1	94.6	35	2.7	1	2.7	1	0.0	0	0.0	0	0.0	0	100.0	37
2	0.0	0	91.7	11	0.0	0	0.0	0	8.3	1	0.0	0	100.0	12
3	5.3	1	0.0	0	89.5	17	5.3	1	0.0	0	0.0	0	100.0	19
4	5.6	1	0.0	0	0.0	0	94.4	17	0.0	0	0.0	0	100.0	18
5	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	100.0	10	0.0	0	100.0	10
6	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	0.0	0	100.0	1	100.0	1

93.8% of genotypes are correctly grouped — ۹۳/۸ درصد ژنوتیپ ها به درستی گروه بندی شده‌اند

نتایج تحقیقات نشان داده است که صحت برآورد ارزش‌های اصلاحی صفات با وراثت‌پذیری بالا نسبت به صفات با وراثت‌پذیری پایین بیشتر است (Villumsen and Janss, 2009). زیرا هرچه وراثت‌پذیری صفت بیشتر باشد، فنوتیپ فرد به ارزش ژنتیکی فرد نزدیک‌تر بوده و در نتیجه ارزش اصلاحی افراد به طور دقیق‌تری برآورد می‌شود. در آزمایش حاضر بالاترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی مربوط به زمان ظهور گل‌آذین نر و کمترین مقدار مربوط به عدد کلروفیل‌متر بود (جدول ۳). وراثت‌پذیری بالای صفات ارتفاع بوته، زمان ظهور بلال دوم، نسبت سطح برگ و عرض برگ اعتماد به برآوردهای اصلاحی را در مورد

این صفات نسبت به سایر صفات مورد ارزیابی بیشتر می‌کند و می‌توان چنین استنباط کرد که این صفات بیشتر تحت اثرات افزایشی ژن‌ها هستند. به طور مشابه نتایج میانگین نسل‌ها و خطای معیار صفت ارتفاع بوته در نسل‌های مختلف حاصل از تلاقی دو والد در ذرت نشان داد که میانگین این صفت تقریبا در حد متوسط دو والد بوده و به طرف یکی از والدین گرایش داشت که این موضوع نشان دهنده وجود آثار افزایشی ژن‌ها تا غالبیت نسبی در کنترل این صفت و عدم وجود غالبیت کامل می‌باشد (Dorri *et al*., 2014). بنابراین در مورد این صفت روش گزینش می‌تواند مؤثرتر از دورگ‌گیری باشد. اگرچه نتایج آزمایش ارشاد الحق و همکاران (Irshad-ul-Haq *et al*., 2010) نشان داد که اثرات غیرافزایشی اهمیت بیشتری در توارث و کنترل ژنتیکی صفت ارتفاع بوته در ذرت ایفا می‌کند. از سوی دیگر گزارش شده است که در وراثت‌پذیری بالاتر، ارزش‌های اصلاحی افراد سهم بیشتری در بروز داده‌های فنوتیپی داشته و بنابراین در برآورد اثرات نشانگرها با استفاده از اطلاعات فنوتیپی، صحت بیشتری مشاهده خواهد شد (Meuwissen *et al* ., 2001). نتایج نشان داد که صفات ارتفاع بلال، تعداد بلال، طول برگ، زمان ظهور بلال اول و قطر ابتدای چوب بلال، وراثت‌پذیری متوسطی داشتند. نتایج آزمایش میهایلوف و چرنوف (Mihailov and Chernov, 2006) نشان دهنده سهم بیشتر اثرات غیرافزایشی از نوع اپیستازی در کنترل ژنتیکی صفت تعداد بلال از طریق تجزیه میانگین نسل‌ها است. علاوه بر این، صفات قطر وسط چوب بلال و وزن خشک بوته وراثت‌پذیری پایینی داشتند. وراثت‌پذیری خصوصی پایین در این صفات نشان دهنده سهم بیشتر هتروزیس بوده و توجه به تولید بذر هیبرید ذرت و دورگ گیری را در اصلاح این صفات نشان می‌دهد. صفاتی که دارای هتروزیس هستند، جزء غالبیت بیش‌تری را نسبت به جزء افزایشی در تجزیه ژنتیکی نسل‌ها نشان می‌دهند، بنابراین والدین دورگ، دارای آلل‌های متفاوتی در هر مکان ژنی هستند که در بین آنها آلل‌هایی با اثر غالبیت تا فوق غالبیت وجود دارد. به طور مشابه وراثت‌پذیری پایین صفات وزن تر و خشک بوته در تمام ژنوتیپ‌های توتون شرقی در شرایط آلودگی مزرعه به گل جالیز نشان دهندهٔ سهم کمتر اثرات ژنتیکی از نوع غیرافزایشی در کنترل این صفات و در نتیجه عدم اعتماد به برآوردهای ارزش اصلاحی در مورد این صفات بود (Tahmasbali *et al*., 2020). بر خلاف عملکرد دانه، در ژنوتیپ‌های ذرت گزینش برای صفات مرتبط با عملکرد در نسل‌های اولیه با وراثت‌پذیری بالا مانند قطر چوب بلال و طول چوب بلال، باعث بهبود عملکرد در نسل‌های پیشرفته می‌شود. اگرچه در آزمایش حاضر صفاتی مانند قطر ابتدای چوب بلال و قطر وسط چوب بلال وراثت‌پذیری متوسط و رو به پایینی داشتند و در نتیجه گزینش در مورد این صفات مثمرثمر نیست. برای صفات وزن دانه در بوته، شاخص سطح برگ، وزن چوب بلال و طول چوب بلال، وراثت‌پذیری بالاتر از یک برآورد شد. نتایج آزمایش کوتز و وایت (Coates and White,1998) در ذرت نشان می‌دهد که برآورد وراثت‌پذیری بالاتر از یک می‌تواند به دلیل برآورد مقدار واریانس کوچک ناشی از اپیستازی، اشتباه نمونه‌برداری و اثرات محیطی برای صفت مورد نظر باشد.

نتیجه‌گیری

در آزمایش حاضر ارزش اصلاحی ۹۷ ژنوتیپ ذرت از نظر صفات مورفولوژیک با استفاده از نشانگرهای ISSR برآورد شد. نتایج نشان داد که ژنوتیپ 14*/89 برای صفات طول چوب بلال، وزن خشک بوته، ارتفاع بوته و ارتفاع بلال دارای بالاترین ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار بود. ارزش اصلاحی مثبت نشان می‌دهد که این ژنوتیپ بیشترین پتانسیل انتقال ارزش صفات به نسل بعد را دارد، بنابراین از این

ژنوتیپ می‌توان به عنوان والد مناسب برای اصلاح این صفات در برنامه‌های به‌نژادی ذرت استفاده کرد. ژنوتیپ Tenptato به عنوان والد مناسب برای اصلاح صفات عدد کلروفیل‌متر و قطر وسط چوب بلال شناخته شد. ژنوتیپ 3/K19/1 در ارتباط با زمان ظهور بلال دوم و قطر ابتدای چوب بلال دارای ارزش اصلاحی مثبت و معنی‌دار بود. با درنظر گرفتن ارزش اصلاحی کلیه صفات مورد ارزیابی، ژنوتیپ‌های P16L6 Kahia، 89*14، OH43/1-42 و P10L7 دارای بالاترین رتبه‌های اصلاحی بودند، بنابراین این ژنوتیپ‌ها به‌عنوان والد مناسب، بیشترین ظرفیت انتقال ارزش نسبی صفات به نسل بعد را دارند. در تجزیه به عامل‌ها، دو عامل اول ۴۸/۷۵ درصد از تغییرات داده‌ها را توجیه کردند که نشان دهنده توزیع ژنومی مناسب نشانگرهای مورد استفاده بود. براساس نتایج خوشه‌بندی ژنوتیپ‌های ذرت براساس ارزش‌های اصلاحی صفات مورد مطالعه تقریبا کلیه ژنوتیپ‌هایی که در خوشه چهارم قرار داشتند، دارای بالاترین مجموع ارزش‌های اصلاحی بودند و می‌توان از آنها به‌عنوان والدین مناسب در برنامه‌های به‌نژادی ذرت استفاده کرد. وراثت‌پذیری خصوصی ۱۷ صفت مورد مطالعه در تمامی موارد معنی‌دار بود. بالاترین مقدار وراثت‌پذیری خصوصی مربوط به زمان ظهور گل‌آذین نر و کمترین مقدار آن مربوط به عدد کلروفیل‌متر بود. وراثت‌پذیری بالاتر این صفات نشان می‌دهد که برآوردهای اصلاحی در مورد این صفات به طور دقیق برآورد شده است و گزینش بر پایه فنوتیپ در اصلاح این صفات باعث افزایش بازده گزینش می‌شود. در نتیجه، وراثت‌پذیری خصوصی بالا در کنار ارزش‌های اصلاحی مثبت و معنی‌دار، باعث افزایش صحت برآوردهای اصلاحی و در نتیجه گزینش صفات مهم اقتصادی توسط به‌نژادگر خواهد شد. با توجه به اینکه هدف اصلی به‌نژادگران ایجاد بهترین ترکیب صفات در یک فرد است، نتایج حاصل از برآورد ارزش‌های اصلاحی در این تحقیق می‌تواند جهت انتخاب بهترین فرد از نظر ارزش اصلاحی برای توسعه جمعیت‌های اصلاحی و برنامه‌های مکان‌یابی ژن‌ها در ژنوتیپ‌های ذرت نیز مورد استفاده قرار گیرد.

سپاسگزاری

از دانشکده کشاورزی و پژوهشکده زیست‌فناوری دانشگاه ارومیه به خاطر فراهم نمودن هزینه و امکانات لازم برای انجام این پژوهش و از آقای مهندس علی غفاری‌آذر دانش‌آموخته کارشناسی ارشد بیوتکنولوژی کشاورزی به خاطر کمک در تهیه داده‌های مولکولی تشکر و قدردانی می‌شود.

منابع مورد استفاده

References

Afrouz, G., R. Darvishzadeh, H. Alipour, J. M. S. Viana and M. Razi. 2021. Estimating breeding value of agrobiologic traits in maize (*Zea mays* L.) under normal and salinity stress conditions based on single nucleotide polymorphism (SNP) marker. Cereal Res. 11(1): 55-75 (In Persian with English abstract).

Bauer, A. M., T. C. Reetz and J. Léon. 2006. Estimation of breeding values of inbred lines using best linear unbiased prediction (BLUP) and genetic similarities. Crop Sci. 46(6): 2685 -2691.

Bernardo, R. 2010. Breeding for quantitative traits in plants. Stemma Press, Woodbury, New York, USA.

Cakir, R. 2004. Effect of water stress at different development stages on vegetative and reproductive growth of corn. Field Crops Res. 89(1): 1-16.

Coates, S. T. and D. G. White. 1998. Inheritance of resistance to gray leaf spot in crosses involving selected

resistant inberd lines of corn. Physiopathology, 88: 972 -982.

Davoodi, S. H., A. Rahemi-Karizaki, A. Nakhzari-Moghadam and E. Gholamalipour Alamdari. 2017. Evaluation of response of yield, yield components and harvest index of bean (*Phaseolus vulgaris*) to terminal drought stress. Crop Sci. Res. Arid Region. 1(2): 155-165 (In Persian with English abstract).

Dorri, P., S. Khavari- Khorasani, M. Valizadeh and P. Taheri. 2014. The study of inheritance and gene effects on yield and agronomic traits of early generations of genetic maize Dehghan (KSC400). Plant Gen. Res. 1(2): 33-42 (In Persian with English abstract).

Farshadfar, E. 1998. Plant breeding methodology. Kermanshah University Press (In Persian with English abstract).

Falconer, D. S. and T. F. C. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. Pearson, Harlow, UK. and W. Fehr. 1991. Principles of Cultivar Development: Theory and Technique. Macmillian Publishing Company.

Fehr, W. R. 1993. Principles of cultivar development. Vol.1. MacMillan Publication. Co. New York, USA.

Freeman, A. E. 1991. C.R. Henderson: contributions to the dairy industry. J. Dairy Sci. 74(11): 4045-4051.

Ghahramani, S. and R. Darvishzadeh. 2021. Estimating breeding value of agro-biological traits in maize using IRAP and REMAP markers. Crop Biotechnol. 11(2): 33-48 (In Persian with English abstract) .

Ghafari Azar, A., R. Darvishzadeh, Z. Aghaali, D. Kahrizi and B. Darvishi. 2019. Assessment of genetic diversity and grouping of maize lines (*Zea mays* L.) using ISSR markers. Cell. Mol. Res. (Iranian Journal of Biology). 32(2): 194-204 (In Persian with English abstract).

Hatami Maleki, M. H., R. Darvishzadeh and Z. Mohseni. 2014. Evaluation of genetic diversity and classification of advanced sunflower lines using ISSR markers. Agric. Biotechnol. J. 3: 33-44 (In Persian with English abstract).

Irshad-ul-Haq, M., S. Ajmal, M. Munir and M. Gulfaraz. 2010. Gene action studies of different quantitative traits in maize. Pak. J. Bot. 42(2): 1021-1030.

Mir Mohammadi Maibody, S. A. M and P. Golkar. 2019. Application of DNA molecular markers in plant breeding. Plant Genet. Res. 6(1): 1 -30 (in Persian with English abstract).

Meuwissen, T. H. E. 2009. Accuracy of breeding values of ‘unrelated’ individuals predicted by dense SNP genotyping. Genet. Select. Evol. 41: 35-47.

Mostafavi, Kh., R. Choukan, M. Taeb, M. R. Bihamta and E. Majidi Heravan. 2009. Study of the gene action in controlling agronomic traits in maize (*Zea Mays* L.) using diallel crossing design. Iran. J. Crop Sci. 10(4):331 -348 (in Persian with English abstract).

Mihailov, M. E and A. A. Chernov. 2006. Using double haploid lines for quantitative trait analysis. Maize Genet. Cooper. Newsl. 80: 30.

Meuwissen, T. H. E., B. Hayes and M. E. Goddard. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics, 157: 1819–1829.

Murray, M. G. and W. F. Thompson. 1980. Rapid isolation of high molecular weight plant DNA. Nucleic Acids Res. 8: 4321-4326.

Piepho, H., J. Mohring, A. Melchinger and A. Buchse. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. Euphytica, 161(1-2): 209-228.

Pal, A. K. and H. S. Prodham. 1994. Combining ability analysis of grain yield and oil content along with some other attributes in maize (*Zea mays* L.). Indian J. Genet. 54: 376-380.

Patterson, H. D. and R. Thompson. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. Biometrika 58(3): 545-554.

Reddy, P. M., N. Sarla and E. A. Siddig. 2002. Inter simple sequence repeat (ISSR) polymorphism and its application in plant breeding. Euphytica, 128: 9-17.

Sadeghi, F. and M. Rahimi. 2017. The use of cluster analysis for best lines selection in maize at S_6 generation. J. Crop Breed. 8(20): 98-91 (in Persian with English abstract).

Semagn, K., A. Bjørnstad and Y. Xu. 2010. The genetic dissection of quantitative traits in crops. Electronic J. Biotechnol. 13(5): 1-45.

Sandhu, K. S., N. Singh and N. S. Malhi. 2007. Some properties of corn grains and their flours I: Physicochemical, functional and chapati-making properties of flours. Food Chemistry 101: 938- 946.

Tahmasbali, M., R. Darvishzadeh and A. Fayaz Moghaddam. 2020. Estimating breeding value of agronomic traits in oriental tobacco genotypes under Broomrape stress and normal vonditions. Plant Genet. Res. 7(1): 103-126 (in Persian with English abstract).

Villumsen, T. M. and L. Janss. 2009. Bayesian genomic selection: the effect of haplotype length and priors. BMC Proceedings 3 (Suppl. 1), S11. https://doi.org/10.1186/1753-6561-3-S1-S11.

Wanda, M. and S. Houshmand. 2011. Study of genetic structure of stomatal and flag leaf traits in durum wheat (*Triticum turgidum* L. ssp. durum). J. Crop Breed. 3(7): 27-41 (In Persian with English abstract).

Estimation of the breeding value of morphophysiological traits of maize (*Zea mays* L.) genotypes using BLUP method

Broushan, H.[1] and R. Darvishzadeh [2]

ABSTRACT

Broushan, H. and R. Darvishzadeh. 2022. Estimation of the breeding value of morphophysiological traits of maize (*Zea mays* L.) genotypes using BLUP method. **Iranian Journal of Crop Sciences. 24(4): 355-374. (In Persian).**

Knowledge of genes action on important traits and their breeding value is necessary to achieve high yielding cultivars in food crops. Molecular markers has eliminated the need for knowing the pedigree of genotypes for estimating Kiniship matrix required to estimate breeding values of taits of interest. In this research, 97 genotypes of maize were evaluated for 17 different agronomic triats using randomized complete block design with six replications at the faculty of agriculture of Urmia University, Urmia, Iran, in 2015. The molecular profile of maize genotypes was evaluated using 16 ISSR primers, and 78 polymorphic bands were amplified. Primers UBC825 and UBC811 produced the highest and lowest number of polymorphic bands, respectively. Breeding value of traits was calculated by best linear unbiased prediction (BLUP) using linear mixed model (MLM) and Kinship matrix based on molecular data. Considering estimated breeding values for sum traits, genotypes P10L5, P16L6 Kahia, 14*89, OH43/1-42 and P10L7 had the highest rank. Genotype 163*/6/15, the only line of sixth group, had positive and high breeding value for leaf area ratio, and negative and low breeding value for trait of grain yield plant^{-1}. Narrow sense heritability of traits was calculated based on beeding values. The highest narrow sense heritability belonged to tassel emergence date. The high narrow sense heritability facilitates selection for desirable trait based on its phenotypic expression. The positive breeding value indicates higher likelyhood of inheritance of desirable traits in next generation in maize breeding programs.

Key words: Additive gene effect, Heritability, Maize, Mixed linear model, Molecular markers and Quantitative genetics

Received: October, 2022 Accepted: February, 2023

1. MSc Student, Urmia University, Urmia, Iran
2. Professor, Urmia University, Urmia, Iran (Corresponding author) (Email: r.darvishzadeh@urmia.ac.ir)